

Efeito de Tipos de Acasalamentos e Razões Sexuais na Seleção Baseada no BLUP¹

Elizângela Emídio Cunha², Ricardo Frederico Euclides³, Robledo de Almeida Torres³, Paulo Sávio Lopes³, Josévo Ribeiro Júnior⁴, Pedro Crescêncio Souza Carneiro⁵

RESUMO - Diferentes tipos de acasalamentos foram avaliados, por meio de dados simulados, em populações submetidas à seleção com base no BLUP, durante 50 gerações. Considerou-se uma característica quantitativa de herdabilidade 0,10 e a seguinte estrutura das populações de seleção: valores de razão sexual: 10, 20, 25 e 50; números de machos selecionados por geração: 10, 5, 4 e 2; tamanhos efetivos de população: 36,36; 19,05; 15,38; e 7,84, respectivamente. Em cada valor de razão sexual, as populações foram acasaladas segundo um dos tipos de acasalamentos: acasalamentos preferenciais de meios-irmãos e irmãos completos, acasalamentos preferenciais entre meios-irmãos, acasalamentos ao acaso, exclusão de acasalamentos entre irmãos completos e exclusão de acasalamentos de meios-irmãos e irmãos completos. Os parâmetros genéticos avaliados foram valores fenotípicos médios e consangüinidade média por geração. No menor valor de razão sexual, observou-se melhor desempenho fenotípico de todos os tipos de acasalamentos. Os tipos de acasalamentos que não permitiram acasalar irmãos proporcionaram maiores ganhos fenotípicos e foram os mais efetivos no controle da consangüinidade, no curto prazo, embora não tivessem impedido seu aumento e acúmulo, ao longo das gerações.

Palavras-chave: consangüinidade, dados simulados, seleção no longo prazo, tamanhos efetivos de população

Effect of Mating Types and Mating Ratios in the Selection based on BLUP

ABSTRACT - Different mating types were evaluated, through simulated data, in populations submitted to selection based on BLUP, during fifty generations. It was considered one quantitative trait with heritability of 0,10. The selected populations had the following data structure: mating ratio values: 10, 20, 25, and 50, numbers of selected males by generation: 10, 5, 4, and 2, and effective population sizes: 36,36, 19,05, 15,38 and 7,84, respectively. In each mating ratio value, the populations were coupled according one of the mating types: preferential mating to half and full sibs, preferential mating between half sibs, random mating, exclusion of mating between full sibs and exclusion of mating to half and full sibs. The genetic parameters evaluated were average phenotypic values and average inbreeding by generation. In the lowest mating ratio value, it was observed better phenotypic performance in all the mating types. The mating types which didn't allow mating between sibs provided higher phenotypic gains and were more effective in controlling the inbreeding, in the short-term selection, although they didn't avoid neither the increasing, nor the inbreeding accumulation, along the generations.

Key Words: inbreeding, simulated data, long-term selection, effective population sizes

Introdução

Em situações reais, no melhoramento animal, ao se definir uma estratégia de seleção visando maiores respostas genéticas, no menor intervalo de tempo, fatores relevantes como: os tamanhos real e efetivo da população, a intensidade e a acurácia da seleção, o método de seleção utilizado, o tempo total de seleção, os sistemas de acasalamentos praticados, além do conhecimento da própria característica considerada na seleção, são fundamentais. Na maioria das vezes estes fatores se relacionam, e, não raramente, há entre eles relações antagônicas (Muir, 1997), que dificultam a otimização do processo de seleção.

Avanços em tecnologias reprodutivas tais como transferência de embriões e fertilização *in vitro*, em populações comerciais de animais domésticos, têm chamado a atenção de pesquisadores, pois, apesar de proporcionarem rápido progresso genético, conduzem à alta intensidade de seleção e, conseqüentemente, a altos níveis de consangüinidade. Estima-se que, aproximadamente, 50% dos mais de 5.000 touros holandeses jovens submetidos anualmente ao teste de progênie, no mundo, sejam filhos dos dez melhores touros usados de forma intensiva em diferentes países (Weigel, 2001).

Se a seleção ocorre no médio e longo prazos, Falconer & Mackay (1996) destacaram a importân-

¹ Apoio financeiro: CNPq.

² Estudante de doutorado em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa - UFV, Rua P.H. Rolfs, s/n, CEP: 36571-000, Viçosa, MG, E-mail: eliz.cunha@bol.com.br

³ Professores do Departamento de Zootecnia da UFV. E-mail: rbaja@ufv.br; rtorres@ufv.br; plopes@ufv.br

⁴ Professor do Departamento de Informática da UFV. E-mail: jivo@dpi.ufv.br

⁵ Professor do Departamento de Biologia da UFV. E-mail: pcrescencio@dbg.ufv.br

cia de se considerar a depressão por consangüinidade, que, neste caso, reduz a variabilidade genética e, conseqüentemente, a resposta obtida. Meuwissen & Woolliams (1994) definiram os efeitos detrimenais da consangüinidade como: redução da variância genética aditiva, o que reduz as taxas de respostas e os valores do limite da seleção para a característica alvo de seleção e outras; depressão por consangüinidade para a característica sob seleção, se os efeitos genéticos são não-aditivos; e, finalmente, depressão por consangüinidade na adaptação do animal.

Smith et al. (1998), em estudo recente com bovinos de leite da raça holandesa, relataram que 1% de aumento no coeficiente de consangüinidade das vacas resultou em perdas de 37 kg de leite, 1,2 kg de gordura e 1,2 kg de proteína por lactação, além de atrasar a idade ao primeiro parto em 0,4 dia, aumentar o intervalo de partos em 0,3 dia e reduzir o período de vida produtiva em 13,1 dias.

Levando-se em conta esses efeitos prejudiciais no processo de seleção, o grande desafio passa a ser o de reduzir as taxas de consangüinidade a níveis aceitáveis, no decorrer das gerações ou, de outra forma, tentar otimizar ganhos genéticos em níveis pré-determinados. Segundo Alcalá et al. (1995), taxas de consangüinidade superiores a 10% podem ser perigosas, pois colocam em evidência alguns genes recessivos indesejáveis.

Nesse sentido, diversas estratégias de seleção têm sido propostas, no intuito de otimizar o uso da variabilidade genética em populações de animais domésticos selecionadas e, com isso, assegurar maiores taxas de respostas à seleção, sobretudo no médio e longo prazos, minimizando-se os efeitos prejudiciais da elevação nos níveis de consangüinidade. Relatam-se, na literatura, práticas de acasalamentos não-aleatórios entre os pais selecionados: acasalamentos do tipo fatorial (Woolliams, 1989); acasalamentos com parentesco mínimo, empregando-se programação linear (Toro et al., 1988); e acasalamentos compensatórios (Santiago & Caballero, 1995). Em outras estratégias, impõe-se limitação no número de irmãos selecionados em cada família (Toro & Perez-Encizo, 1990) ou, ainda, predefine-se o valor do parentesco médio entre os indivíduos selecionados (Meuwissen, 1997).

Grundy et al. (1994) combinaram métodos de seleção e tipos de acasalamentos em seu estudo, avaliando, com destaque, o uso de herdabilidades viesadas na seleção baseada no BLUP com uso do

modelo animal, em associação ao acasalamento do tipo compensatório. No entanto, segundo Caballero et al. (1996), os tipos de acasalamentos não-aleatórios têm sido pouco investigados.

Este estudo foi conduzido com o objetivo de avaliar diferentes tipos de acasalamentos entre animais escolhidos com base no BLUP para pais da próxima geração, quanto aos valores fenotípicos médios e de consangüinidade média, ao longo de 50 gerações de seleção.

Material e Métodos

Foi utilizado o programa Genesys (Euclides, 1996), elaborado para o compilador Fortran, na simulação dos dados. Este programa utiliza o modelo em nível de gene e tem condições de trabalhar com até três características simultaneamente, permitindo estabelecer desde interações não-aditivas entre genes para uma particular característica, bem como correlações entre características, sendo, portanto, apropriado à simulação de genomas suficientemente complexos.

O genoma estudado constituiu-se de 250 locos quantitativos dialélicos distribuídos ao acaso em 20 pares de cromossomos autossômicos de tamanhos aleatórios, cujo comprimento total foi de 4.000 centimorgans. Os efeitos aditivos dos genes seguiram a distribuição normal e não foram permitidas interações do tipo não-aditivas entre eles. As frequências gênicas iniciais em ambos os sexos foram iguais, admitindo-se, além do efeito fixo de sexo, um efeito fixo qualquer com 10 classes. Os efeitos de ambiente não controláveis foram simulados seguindo a distribuição normal e variância que originasse a herdabilidade em estudo, e as frequências iniciais dos locos quantitativos foram simuladas com distribuição uniforme e valor inicial médio de 0,50.

Estudou-se uma característica quantitativa de herdabilidade igual a 0,10, para a qual foi simulada uma população-base, constituída de 1.000 indivíduos, com igual proporção de machos e fêmeas. Utilizaram-se processos inteiramente aleatórios para se obter os animais desta população, em todas as etapas, desde a simulação dos gametas, seu pareamento para formação dos zigotos até a definição do sexo dos animais. Portanto, considerou-se a inexistência de parentesco entre os indivíduos desta população, uma vez que eles foram originados de processos aleatórios e não de segregações mendelianas, como se verifica nas populações reais.

A partir da população-base, foi simulada uma população inicial ou população da geração zero, marcando-se o início dos laços de parentesco entre os indivíduos. Em sua formação, foram escolhidos ao acaso, e da mesma forma acasalados, 10 machos e 100 fêmeas, sendo produzidos oito descendentes por casal. Nesta etapa, os reprodutores produziram gametas por meio de um processo denominado de "caminhada cromossômica", que permite ou não a ocorrência de "crossing-over", com gametogênese à semelhança do que ocorre nos animais, considerando-se então as segregações mendelianas. Terminada a gametogênese, iniciava-se a zigotogênese.

Depois de formada a população inicial, teve início a formação das populações de seleção por meio do BLUP (melhor preditor linear não-viesado), obtido a partir das equações de modelos mistos, com uso do modelo animal. Foram considerados dois efeitos fixos (de sexo e daquele com 10 classes), como também os efeitos aleatórios de animal e de ambiente.

A seleção foi conduzida por 50 gerações consecutivas e discretas, com 20 repetições por geração, a fim de reduzir os efeitos da flutuação gênica.

O tamanho real N das populações selecionadas foi de 600 indivíduos por geração, correspondendo a seis filhos por casal, por geração. O tamanho efetivo de população N_e foi calculado segundo fórmula proposta por Wright (1931), citada por Falconer (1987).

Todas as populações formadas eram fechadas, não ocorrendo migração e nem mutação. Na Tabela 1 encontram-se as estruturas das populações de seleção.

Em cada valor de razão sexual estudada, formaram-se tantas populações correspondentes ao número de tipos de acasalamentos efetuados entre os reprodutores selecionados para pais da próxima geração. Desses tipos, quatro foram não-aleatórios: acasalamentos preferenciais de meios-irmãos e irmãos completos (Uso de MI e IC), acasalamentos preferenciais entre meios-irmãos (Uso de MI), exclusão de acasalamentos entre irmãos completos (Exclusão de IC) e exclusão de acasalamentos de meios-irmãos e irmãos completos (Exclusão de MI e IC); e um foi do tipo aleatório: acasalamentos ao acaso (Ao acaso).

Foram avaliados os seguintes parâmetros genéticos: valores fenotípicos médios e consangüinidade média por geração.

Tabela 1 - Estruturas das populações de seleção
Table 1 - Structures of the selected populations

$d = \frac{N_f}{N_m}$ ¹	N_m ²	P_m ³	i_m ⁴	N_f ⁵	P_f ⁶	i_f ⁷	N_e ⁸
10	10	0,0333	2,227	100	0,333	1,091	36,363
20	5	0,0166	2,489	100	0,333	1,091	19,047
25	4	0,0133	2,563	100	0,333	1,091	15,385
50	2	0,0066	2,820	100	0,333	1,091	7,843

¹ Valor de razão sexual (número de fêmeas/número de machos).

² Número de machos selecionados.

³ Proporção de machos selecionados.

⁴ Intensidade de seleção aplicada aos machos

⁵ Número de fêmeas selecionadas.

⁶ Proporção de fêmeas selecionadas.

⁷ Intensidade de seleção aplicada às fêmeas.

⁸ Tamanho efetivo da população.

¹ Mating ratio value (number of females/ number of males).

² Number of selected males.

³ Proportion of selected males.

⁴ Intensity of selection applied to males.

⁵ Number of selected females.

⁶ Proportion of selected females.

⁷ Intensity of selection applied to females.

⁸ Effective population size.

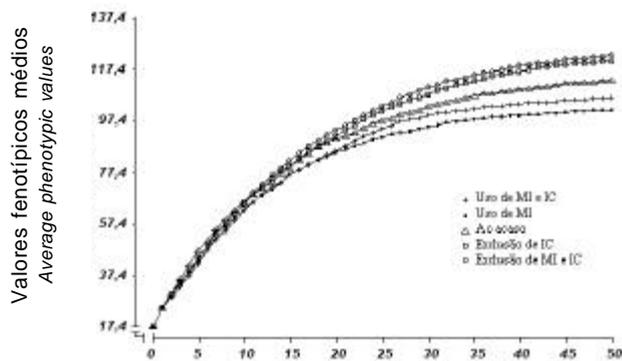
Resultados e Discussão

Na Figura 1 (Figuras 1a, 1b, 1c e 1d, correspondentes aos valores de razão sexual (d): 10, 20, 25 e 50, nesta ordem), são apresentados os resultados de valores fenotípicos médios dos indivíduos nos diferentes tipos de acasalamentos praticados entre os reprodutores selecionados com base no BLUP, para pais da próxima geração, ao longo de 50 gerações.

Independentemente do valor de razão sexual, foram observados, em todos os tipos de acasalamentos, aumentos nos valores fenotípicos médios, no decorrer das gerações. Conforme esperado, na seleção

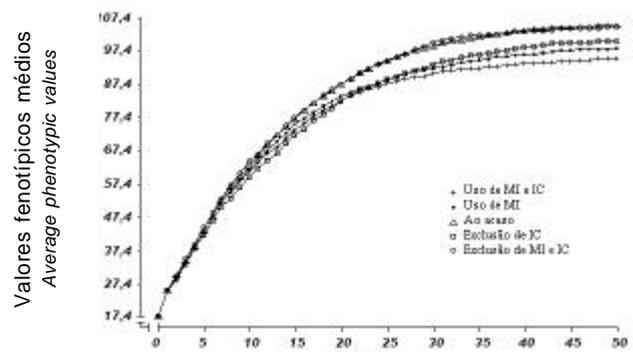
artificial, ao se escolherem os melhores indivíduos a cada geração para reproduzir e formar a próxima geração, é proporcionado um diferencial de seleção cumulativo. Observou-se, ainda, que esses aumentos foram inicialmente mais acelerados e que, depois, apresentaram natureza assintótica, até alcançarem o limite, ou platô, de resposta à seleção.

Do início até a décima geração, não houve diferenças entre os valores fenotípicos obtidos em todos os tipos de acasalamentos, em cada valor de razão sexual, exceto no caso da razão sexual (d) igual a 50 (Figura 1d), em que as diferenças apareceram pelo menos cinco gerações antes.



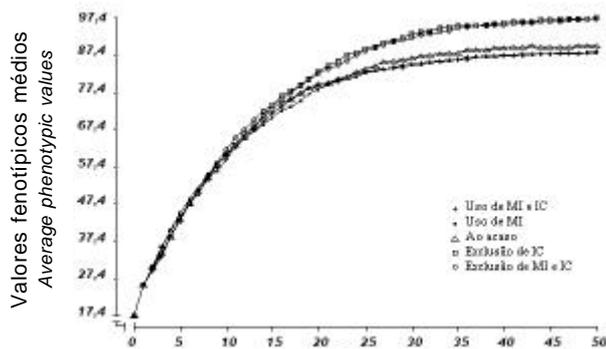
1a

Geração
Generation



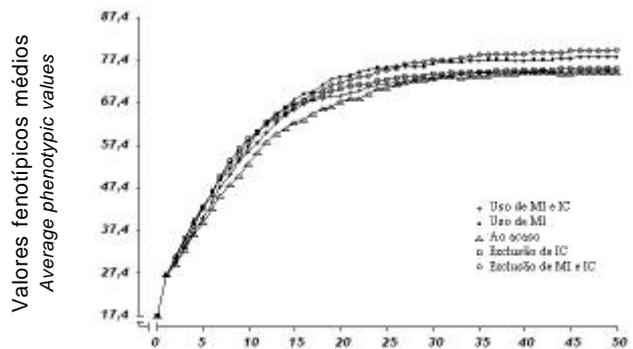
1b

Geração
Generation



1c

Geração
Generation



1d

Geração
Generation

Figura 1- Valores fenotípicos médios obtidos pela seleção baseada no BLUP, ao longo de 50 gerações, nos diferentes tipos de acasalamentos, com valores de razão sexual (d): 10, 20, 25 e 50 (Figuras 1a, 1b, 1c e 1d), respectivamente.

Figure 1 - Average phenotypic values obtained by selection based on BLUP, along fifty generations, in the different mating types, with mating ratio values (d): 10, 20, 25 e 50 (Figures 1a, 1b, 1c e 1d), respectively.

Após as dez primeiras gerações, verificou-se, em cada valor de razão sexual, separação entre os tipos de acasalamentos, sendo este comportamento mais evidente para a razão sexual (d) igual a 10 (Figura 1a), na qual se observaram, ainda, os maiores valores fenotípicos após as três primeiras gerações.

Com o aumento no valor da razão sexual, os resultados de valores fenotípicos apresentaram menores acréscimos e, também, observou-se menor separação entre os tipos de acasalamentos com redução no número de gerações para se atingir os valores fenotípicos de estabilização. Estes comportamentos podem estar associados ao aumento na intensidade de seleção dos machos, que gradativamente passou de 2,23 a 2,82, com simultânea redução no tamanho efetivo de população, conforme mostrado na Tabela 1. Isto, por sua vez, acarretou elevados níveis de consangüinidade, como pode ser visto na Figura 2 (Figuras 2a, 2b, 2c e 2d), conseqüentemente esgotando o potencial genético de resposta à seleção, tendo em vista o pequeno número de locos considerados para a característica, e que as populações eram fechadas e não houve mutação que pudesse introduzir nova variabilidade genética nas mesmas.

Vale ressaltar que a seleção baseada no BLUP proporciona elevado ganho genético em menor intervalo de tempo, em função do aumento na acurácia de seleção (correlação entre o critério de seleção e os valores genéticos dos indivíduos), conseguido com o uso da informação de parentes, que apresenta maior importância nas características de baixa herdabilidade. Todavia, o BLUP por si ocasiona aumento nos níveis de consangüinidade, pois eleva a chance de que indivíduos aparentados sejam co-selecionados. Isto aumenta a variância do tamanho das famílias e, conseqüentemente, reduz o tamanho efetivo da população. Neste trabalho, os valores de N_e apresentados na Tabela 1 foram estabelecidos em função dos valores de razão sexual, determinados pelos totais de macho e de fêmeas selecionados e acasalados, em cada geração, para compor a próxima geração.

Weber (1989), apesar de estudar respostas à seleção individual, no longo prazo, em *Drosophila melanogaster*, encontrou melhores resultados ao longo das gerações e, então, maiores valores de platôs, quando as características foram selecionadas em populações de tamanhos efetivos maiores.

Quinton & Smith (1995), utilizando o modelo infinitesimal de genes e comparando diferentes métodos de seleção, ressaltaram que o simples aumento no número de machos selecionados, implicando redução

na intensidade de seleção destes e aumento no tamanho efetivo de população, conduziria a resultados semelhantes aos que são obtidos com uso de estratégias de seleção mais elaboradas, tendo em vista o controle do aumento nos níveis de consangüinidade.

De modo geral, os tipos de acasalamentos com preferência para acasalamentos entre irmãos foram os de piores resultados fenotípicos no médio e longo prazos como esperado; enquanto os tipos que excluíram acasalamentos entre irmãos proporcionaram os maiores ganhos por seleção, em todas as razões sexuais estudadas, à exceção da razão igual a 50 (Figura 1d). O tipo de acasalamento ao acaso mostrou-se intermediário nos valores de razão sexual iguais a 10 e 25 (Figuras 1a e 1c) e foi tão eficiente quanto o tipo que excluiu acasalamentos de meios-irmãos e irmãos completos no valor de razão sexual igual a 20 (Figura 1b). Contudo, este tipo tendeu a proporcionar menores ganhos na razão sexual igual a 50, após as primeiras gerações.

Sendo a razão sexual igual a 50, o tipo com preferência para acasalamentos entre meios-irmãos apresentou melhores resultados, assumindo o segundo lugar a partir da vigésima quinta geração. Já o tipo que excluiu acasalamentos entre irmãos completos não se destacou em relação aos demais. Isso pode estar relacionado ao fato de, nesta razão sexual, o menor número de famílias de meios-irmãos (apenas duas) ter sido compensado pelo maior tamanho delas (300 filhos). Assim, os acasalamentos entre meios-irmãos se tornaram os mais importantes.

Os aumentos nos níveis de consangüinidade média (Figuras 2a a 2d), no decorrer das gerações, em todos os tipos de acasalamentos e razões sexuais, resultaram em valores bastante elevados, no médio e longo prazos, que inviabilizariam qualquer sistema produtivo animal ou mesmo núcleos de conservação genética. Estes resultados eram esperados em função da utilização do BLUP e pelo fato de se tratar de característica de baixa herdabilidade, situações em que aumenta a importância das informações da família, como já mencionado.

Em valores de razão sexual (d) até 25, verificou-se tendência em separar os tipos de acasalamentos em dois principais grupos: um constituído pelos tipos com acasalamentos preferenciais de irmãos, nos quais se observaram os maiores valores de consangüinidade e, outro, pelos tipos que excluíram acasalamentos de irmãos e pelo tipo ao acaso, os quais se mostraram mais eficientes em controlar os

aumentos na consangüinidade, em todas as gerações, principalmente para o valor de razão igual a 10.

Nota-se que, da primeira até a décima geração, houve diferenças de consangüinidade entre os tipos de acasalamentos nos valores de razão sexual (d): 10, 20 e 25 (Figuras 2a, 2b e 2c), embora não tivessem sido observadas diferenças quanto aos valores fenotípicos (Figuras 1a, 1b e 1c) considerando estes valores da razão sexual, nessas mesmas gerações de seleção.

À medida que a razão sexual aumentou, decresceu a eficiência de todos os tipos de acasalamentos quanto ao controle no aumento da consangüinidade, o que resultou em gradativa aproximação entre eles, como mostrado na Figura 2 (Figuras 2a a 2d). Isto se

deveu à maior aceleração no aumento da consangüinidade em todos os tipos, no decorrer das gerações, em função, sobretudo, do aumento na intensidade de seleção dos machos. De modo geral, acasalamentos mais consangüíneos resultaram em menores valores fenotípicos e vice-versa.

A resposta à seleção obtida em programas de melhoramento genético é determinada por fatores como intensidade de seleção e horizonte de tempo do programa. Pelos resultados obtidos com esta simulação, se o objetivo for resposta no curto prazo, até cinco gerações, em média, a aplicação de uma maior intensidade de seleção, resultou em valores fenotípicos ligeiramente superiores aos obtidos com níveis menores de intensidade

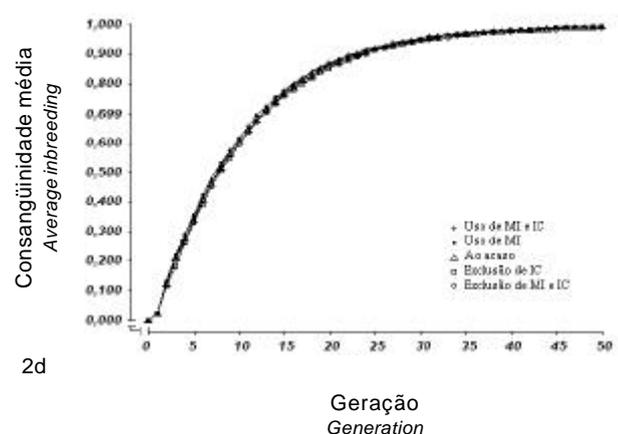
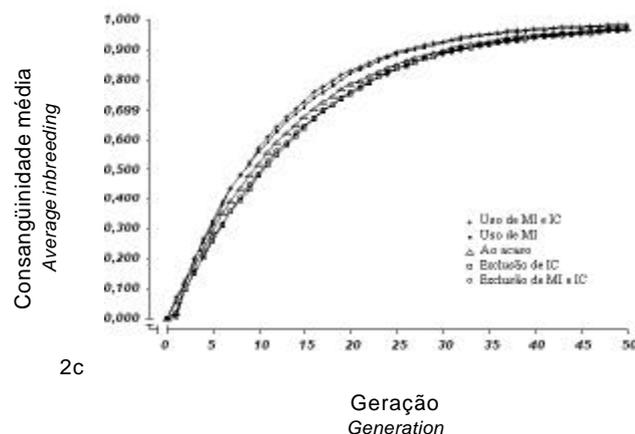
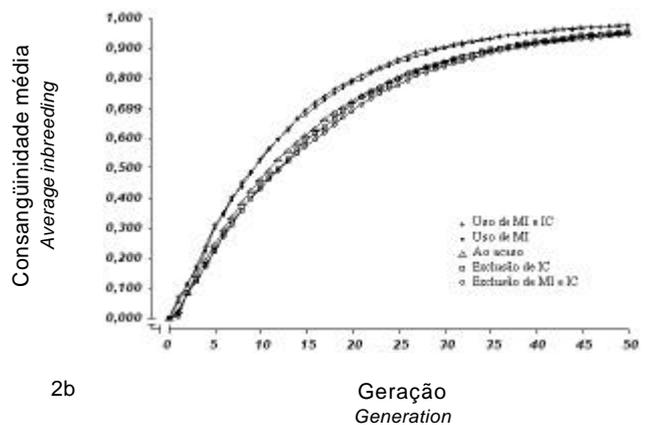
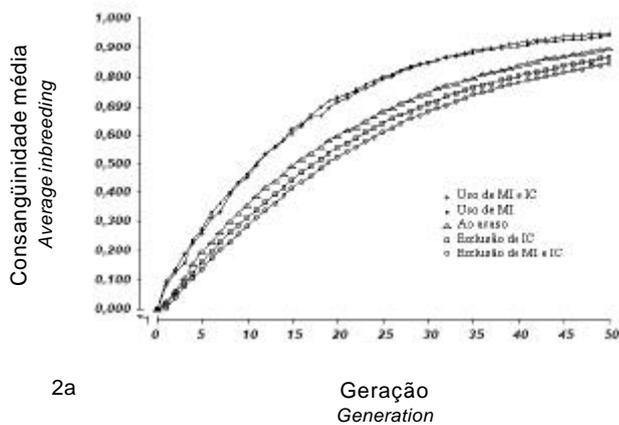


Figura 2 - Valores de consangüinidade média obtidos pela seleção baseada no BLUP, ao longo de 50 gerações, nos diferentes tipos de acasalamentos, com valores de razão sexual (d) 10, 20, 25 e 50 (Figuras 2a, 2b, 2c e 2d), respectivamente.

Figure 2 - Average inbreeding values obtained by selection based on BLUP, along fifty generations, in the different mating types, with mating ratio values (d) 10, 20, 25 e 50 (Figures 2a, 2b, 2c e 2d), respectively.

de seleção. Dependendo do intervalo de gerações da raça ou espécie animal de interesse e da taxa de ganho genético anual predito, isto poderá representar grande impacto em termos econômicos. Entretanto, deve ser considerado que a maior intensidade de seleção também está associada a um incremento nos níveis de consangüinidade, no decorrer das gerações, que, por sua vez, poderá comprometer a expectativa de ganho futuro por seleção, sobretudo naqueles programas que visam a obtenção de resposta à seleção no médio e longo prazos, pela preservação da variabilidade genética.

Admitindo-se, por exemplo, um nível de consangüinidade média de 0,10, próximo do nível máximo possível de ser tolerado nas diferentes espécies de animais domésticos, verificado em literatura, observou-se que apenas para o valor de razão sexual (d) igual a 10 (Figura 2a), os tipos de acasalamentos ao acaso e os que excluam acasalamentos entre irmãos mostraram-se eficientes no controle do aumento da consangüinidade média. Segundo Meuwissen & Woolliams (1994), valores de tamanho efetivo de população entre 31 e 250 animais por geração seriam recomendados para evitar decréscimos no valor adaptativo. O valor de razão sexual igual a 10, neste trabalho, representa um tamanho efetivo de 36,36, que está incluído no intervalo citado por estes autores. Isto sugere, portanto, que nos valores de razão sexual (d) menores do que 10, a eficiência dos tipos de acasalamentos direcionados constitui-se numa estratégia viável para garantir progresso genético, pelo menos no curto prazo, com controle dos níveis de consangüinidade.

Conclusões

A imposição de tipos de acasalamentos restringindo aqueles entre indivíduos aparentados é uma estratégia de seleção válida em populações cuja razão sexual é menor do que 10, no sentido de possibilitar o atraso no aparecimento da consangüinidade a cada geração, embora não impeça seu aumento e acúmulo, ao longo das gerações.

Em populações que utilizam intensivamente poucos reprodutores, como os núcleos MOET, populações fechadas como na avicultura, e os núcleos sob conservação genética, níveis elevados de consangüinidade podem inviabilizar o sistema de produção animal ou mesmo conduzir à extinção, por seus efeitos prejudiciais sobre características relacionadas à adaptação e reprodução, tornando relevante a preocupação com os tamanhos efetivos e razões sexuais utilizados.

Literatura Citada

- ALCALÁ, A.M.; FRANGANILLO, A.R.; CÓRDOBA, M.V. Analisis genético de los niveles de consanguinidad em la raza Retinta. *Archive Zootecnica*, v.44, p.257-265, 1995.
- CABALLERO, A.; SANTIAGO, E.; TORO, M.A. Systems of mating to reduce inbreeding in selected populations. *Animal Science*, v.62, p.431-442, 1996.
- EUCLYDES, R.F. **Uso do sistema para simulação Genesys na avaliação de métodos de seleção clássicos e associados a marcadores moleculares**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1996. 149p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1996.
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. 2.ed. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1987. 279p.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Longman, Essex UK, 1996. 464p
- GRUNDY, B.; CABALLERO, A.; SANTIAGO, E. et al. A note on using biased parameter values and non-random mating to reduce rates of inbreeding in selection programmes. *Animal Production*, v.59, p.465-468, 1994.
- MEUWISSEN, T.H.E. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *Journal of Animal Science*, v.75, n.4, p.934-940, 1997.
- MEUWISSEN, T.H.E.; WOOLLIAMS, J.A. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. *Theoretical and Applied Genetics*, v.89, p.1019-1026, 1994.
- MUIR, W.M. Genetic selection strategies: computer modeling. *Poultry Science*, v.76, n.8, p.1066-1070, 1997.
- QUINTON, M.; SMITH, C. Comparison of evaluation-selection systems for maximizing genetic response at the same level of inbreeding. *Journal of Animal Science*, v.73, n.8, p.2208-2212, 1995.
- SANTIAGO, E.; CABALLERO, A. Effective size of populations under selection. *Genetics*, v.139, p.1013-1030, 1995.
- SMITH, L.A.; CASSEL, B.G.; PEARSON, R.E. The effects of inbreeding on the lifetime performance of dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, v.81, p.2729-2737, 1998.
- TORO, M. A.; NIETO, B.; SALGADO, C. A note on minimization of inbreeding in small-scale selection programmes. *Livestock Production Science*, v.20, p.317-323, 1988.
- TORO, M.A.; PEREZ-ENCISO, M. Optimization of selection response under restricted inbreeding. *Genetic, Selection and Evolution*, v.22, p.93-107, 1990.
- WEBER, K.E. Large population size and long-term selection response with rapid mass measurement systems using *Drosophila melanogaster*. In: ANNUAL NATIONAL BREEDERS' ROUNDTABLE, 38., 1989, St. Louis, Missouri. **Proceedings...** St. Louis, Missouri, 1989. 24p.
- WEIGEL, K.A. Controlling inbreeding in modern breeding programs. *Journal of Dairy Science*, v.84, (E. Suppl.), p.E177-E184, 2001.
- WOOLLIAMS, J.A. Modifications to MOET nucleus breeding schemes to improve rates of genetic progress and decrease rates of inbreeding in dairy cattle. *Animal Production*, v.49, p.1-14, 1989.

Recebido em:09/05/02

Aceito em: 03/02/03