



## Endogamia, fixação de alelos e limite de seleção em populações selecionadas por métodos tradicionais e associados a marcadores moleculares<sup>1</sup>

Paulo Luiz Souza Carneiro<sup>1</sup>, Carlos Henrique Mendes Malhado<sup>1</sup>, Ricardo Frederico Euclides<sup>2</sup>, Antonio Policarpo Souza Carneiro<sup>2</sup>, Elizângela Emídio Cunha<sup>2</sup>

<sup>1</sup> PAGAB (Programa de Avaliação Genética Animal da Bahia), Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Departamento de Ciências Biológicas, Laboratório de Genética Molecular, Av. José Moreira Sobrinho, S/N, Jequié-BA, CEP: 45200-000.

<sup>2</sup> Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Zootecnia, CEP: 36570-000 – Campus Universitário – Viçosa-MG.

**RESUMO** - Objetivou-se avaliar o coeficiente de endogamia, a fixação de alelos e o limite de seleção em populações selecionadas durante 20 gerações. A seleção foi baseada nos valores genéticos preditos pelo BLUP clássico (BLUP) e pelo BLUP marcadores (BLUPM) e na seleção individual (SI) utilizando diferentes sistemas de acasalamento. Para se obter a matriz de similaridade genética utilizada no BLUPM, foram simulados 100 marcadores moleculares do tipo microssatélite, por meio de um coeficiente de similaridade correspondente à distância euclidiana média para dados quantitativos. Para comparar os diferentes métodos de seleção, utilizaram-se populações com tamanho efetivo de 66,66 e média de 30 repetições. Observou-se maior incremento de endogamia para o BLUPM, seguido pelo BLUP e SI. Os métodos baseados no BLUP levaram a maior fixação de alelos favoráveis e desfavoráveis. O BLUPM foi o método que proporcionou maior redução no limite de seleção nas 20 gerações avaliadas. Os acasalamentos dos reprodutores selecionados que excluíram o acasalamento entre irmãos resultaram em menor taxa de incremento de endogamia, menores perdas pela fixação de alelos desfavoráveis e menor redução no limite da seleção.

Palavras-chave: BLUP, seleção, simulação, sistemas de acasalamento

## Inbreeding, alleles fixation and selection limit in populations under traditional or marker assisted selection methods

**ABSTRACT**- This study aimed to evaluate the inbreeding coefficient, alleles fixation and selection limit in a population selected during 20 generations. Selection was based on breeding values predicted by classical best linear unbiased prediction (BLUP), BLUP associated with molecular markers (BLUPM) and individual selection (IS) using different mating designs. The genetic similarity matrix used in BLUPM was obtained by simulating 100 micro satellite markers (simple sequence repeats) using a similarity coefficient corresponding to the mean Euclidean distance between quantitative data. The selection methods were compared using populations with an effective size of 66.66 and a mean of 30 repetitions. The largest increase in inbreeding was observed for BLUPM, followed by BLUP and SI. The methods based on BLUP provided the higher fixation of favorable and unfavorable alleles. The BLUPM method provided the higher reduction in the selection limit during the twenty generations. Systems excluding between sibs mating resulted in lower increases in inbreeding rates, fewer losses due to unfavorable allele fixation and smaller decreases in selection limit.

Key Words: BLUP, mating systems, selection, simulation

### Introdução

No melhoramento animal, procura-se obter material genético mais produtivo e eficiente utilizando-se a seleção. Diversos grupos de cientistas têm desenvolvido pesquisas com modernos métodos de avaliação genética e de estimação de parâmetros genéticos para diferentes critérios de seleção.

Entretanto, poucos estudos abordam os efeitos da seleção na endogamia, na fixação de alelos e no limite da seleção. O conhecimento destes impactos é importante, visto que a depressão endogâmica na característica sob seleção tem importante efeito sobre a resposta à seleção a médio e a longo prazo. Deve-se considerar também a redução na probabilidade de fixar genes favoráveis e no limite da seleção.

Como conseqüências das elevadas taxas de endogamia, têm-se perda parcial do ganho genético obtido por seleção e redução do valor fenotípico médio, evidenciado, principalmente, pela capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica. Segundo Silva et al. (2001), a falta de programa de acasalamento eficiente e o fato de se trabalhar com rebanhos fechados têm sido determinantes no incremento das taxas de endogamia. Oliveira et al. (1999) ressaltaram ainda a dificuldade de redução do coeficiente de endogamia quando a seleção é praticada para apenas uma característica.

Segundo Caballero (1994), Sanchez et al. (1999) e Bijma & Woolliams (2000), a seleção artificial acarreta decréscimo no tamanho efetivo da população. A redução no tamanho efetivo pode ter importância considerável na conservação genética das populações de pequenos núcleos ou daquelas submetidas à seleção, especialmente nos casos de seleção baseada em valores genéticos preditos por meio de índices e do BLUP.

A endogamia tende a fixar alelos favoráveis e desfavoráveis em alguns locos. Espera-se, portanto, que a resposta total e sua duração sejam reduzidas, haja vista a redução na variância genética aditiva. Teoricamente, quando a resposta à seleção diminui, a população pode estar no limite da seleção, que, ao ser alcançado, indica que todos os locos foram fixados.

Cunha et al. (2004) estudaram populações sob cinco diferentes tipos de acasalamento submetidas à seleção baseada no BLUP. Ao avaliarem as perdas genéticas por fixação de alelos desfavoráveis e limite de seleção, os autores observaram valores percentuais menores para locos fixados desfavoravelmente e limite da seleção maiores no maior tamanho efetivo de população estudado (36,36).

Breda et al. (2004) avaliaram o comportamento do coeficiente de endogamia e do limite de seleção considerando população-base selecionada, utilizando seleção com base nos valores genéticos preditos pelo BLUP. Foram consideradas três gerações distintas: geração-base, 0 (verdadeira), 3 e 7. Quando não se utilizou a população-base verdadeira, os coeficientes de endogamia foram subestimados. As populações com as gerações 3 e 7 como base apresentaram as mesmas taxas de fixação de alelos favoráveis e os mesmos valores do limite de seleção das populações que incluíram a população-base verdadeira.

Recentemente, tem-se estudado a possibilidade de utilização de informações de similaridade genética, por meio de marcadores moleculares, na aplicação da metodologia de modelos mistos. Esta metodologia tem sido denominada BLUP marcadores ou BLUPM, como nos trabalhos de Euclides (1996) e Silva Filho (2001). Entretanto, os efeitos do uso de BLUP marcadores sobre a endogamia, a fixação de alelos e o limite da seleção são desconhecidos.

Objetivou-se comparar o comportamento do coeficiente de endogamia, da fixação de alelos e do limite de seleção em populações sob seleção baseada nos valores genéticos preditos pelo BLUP e pelo BLUPM (utiliza matriz de similaridade calculada por meio de marcadores moleculares) e na seleção individual em diferentes sistemas de acasalamento.

## Material e Métodos

Os dados utilizados foram obtidos por meio do programa de simulação GENESYS (Euclides, 1996), que reúne nove programas, escrito para o compilador FORTRAN, e que permite a simulação de genomas de certa complexidade para estudos de métodos de seleção, testes de pressuposições, avaliações de novas metodologias de seleção, entre outros.

Para o desenvolvimento deste trabalho, foi simulado um genoma constituído de uma característica quantitativa com valor de herdabilidade igual a 0,10. O genoma foi simulado com 200 locos quantitativos polialélicos (oito alelos), com freqüências alélicas iniciais baseadas na distribuição uniforme. Esses locos foram distribuídos ao acaso em 15 pares de cromossomos autossômicos de tamanhos aleatórios em genoma de 2.000 cM de comprimento; foram simulados apenas os efeitos aditivos dos locos quantitativos sob a distribuição normal.

A partir do genoma descrito anteriormente, foi simulada uma população-base de 1.000 indivíduos (500 machos e 500 fêmeas). Dessa população, foi formada a população inicial, pela escolha e pelo acasalamento ao acaso de dez machos e 100 fêmeas, produzindo cinco descendentes por acasalamento, totalizando 500 indivíduos. Em seguida, foram formadas três populações para seleção, às quais foram aplicados os sistemas de acasalamento entre os animais selecionados: RAA - aleatório; EIC - exclusão do acasalamento entre irmãos completos; EICMI - exclusão do acasalamento de irmãos completos e meio-irmãos.

A seleção foi praticada durante 20 gerações consecutivas, por meio da seleção individual (SI) ou dos valores genéticos preditos pelo BLUP Clássico (BLUP), utilizando informações de genealogia ou *pedigree*, ou pelo BLUP Marcadores – BLUPM, utilizando matriz de similaridade genética calculada por meio de marcadores moleculares. As 20 gerações de seleção foram repetidas por 30 vezes utilizando-se os valores médios nas figuras para reduzir os efeitos da oscilação genética que poderiam gerar confundimentos na comparação das metodologias.

A cada geração, foram selecionados 20 machos e 100 fêmeas e gerados cinco descendentes por acasalamento, totalizando 500 indivíduos (tamanho efetivo de 66,66). Para calcular o tamanho efetivo dessas populações, utilizou-se

a fórmula proposta por Wright (1931), citada por Falconer (1981):

$$\frac{1}{N_e} = \frac{1}{4N_m} + \frac{1}{4N_f},$$

em que  $N_e$  = tamanho efetivo da população  $N_m$  = número de machos e  $N_f$  = número de fêmeas.

OBLUPM diferenciou-se do BLUP clássico basicamente na obtenção da matriz de parentesco  $A$  e de sua inversa  $A^{-1}$ . Na metodologia clássica, a matriz de parentesco é construída de modo que os elementos da diagonal representam o grau de semelhança de indivíduos com eles mesmos, portanto, igual a 1 mais o coeficiente de endogamia deste indivíduo ( $1+F$ ), enquanto os elementos fora da diagonal representam os numeradores do coeficiente de parentesco de Wright entre os indivíduos.

Como cada descendente direto recebe metade de seu conteúdo genético de cada um dos pais, o grau de parentesco entre pais e filhos é sempre igual a 0,5. Para irmãos completos, meio-irmãos ou qualquer outro grau de parentesco, os indivíduos possuem alelos comuns dentro de determinado grau de probabilidade. Espera-se, por exemplo, que irmãos completos possuam, em média, 50% dos alelos em comum, porém este valor para dois irmãos quaisquer pode variar de 0 a 100%. Para a relação entre meio-irmãos, espera-se, em média, 25% de alelos comuns, podendo variar de 0 a 50%.

Para obter a estimativa mais real da porcentagem de alelos em comum entre os indivíduos de uma população, foram utilizados marcadores moleculares na construção de uma matriz de similaridade genética para substituição da matriz na metodologia BLUP.

Neste estudo, a matriz de similaridade genética foi calculada considerando todos os marcadores moleculares, no caso multialélicos, por meio de um coeficiente de similaridade correspondente à distância euclidiana média para dados quantitativos, como a seguir:

$$S_{WY} = \frac{1}{\sqrt{p}} \left( \sum_{i=1}^p (x_i - x_j)^2 \right)^{1/2},$$

em que  $S_{WY}$  é grau de similaridade entre os indivíduos  $W$  e  $Y$ ;  $p$ , número de locos;  $x_i - x_j$ , frequência de alelos coincidentes; em que a diferença  $x_i - x_j$  assumiu os valores 0, 0,5 e 1,0.

A matriz  $A$ , gerada a partir de  $S$  gerada, foi invertida por método direto e usada no BLUP como se fosse a matriz  $A^{-1}$ . O BLUP modificado usando a matriz de similaridade genética foi chamado de BLUPM.

A comparação entre as diferentes metodologias (SI, os valores genéticos preditos pelo BLUP e os valores genéticos

preditos pelo BLUPM) foi feita com base nos valores de endogamia média, nas perdas e nos ganhos pela fixação de alelos e no limite da seleção.

## Resultados e Discussão

Os valores da endogamia são apresentados na Figura 1 e referem-se a populações submetidas à seleção baseada nos valores genéticos preditos pelo BLUP, pelo BLUPM e pela SI nos sistemas de acasalamento RAA, EIC e EICMI, respectivamente.

Na Figura 2 são apresentados os valores médios de endogamia para os sistemas de acasalamento RAA, EIC e EICMI, obtidos pelo BLUP e pelo BLUPM. Observa-se nas Figuras 1 e 2 que os valores de endogamia aumentaram no decorrer das gerações para todos os métodos de seleção e os diferentes sistemas de acasalamento.

As taxas de aumento da endogamia foram maiores para o BLUPM, seguido pelo BLUP, observando-se que o método que resultou em menores taxas de endogamia foi a SI. A seleção com base no BLUP e BLUPM tende a conduzir a taxas de endogamia maiores que aquelas observadas na SI, visto que esses métodos selecionam indivíduos mais aparentados (Belonsky & Kennedy, 1988; Kuhlers & Kennedy, 1992; Quinton et al., 1992; Jeyruban et al., 1995; Quinton & Smith, 1995; Muir, 2000).

Ao avaliar o aumento na taxa de endogamia no BLUP e BLUPM sob os diferentes sistemas de acasalamento (Figura 2), observou-se que, quando os reprodutores selecionados foram acasalados ao acaso (RAA), houve taxas maiores de endogamia até a 20ª geração. Os métodos que excluíram o acasalamento de irmãos (EIC e EICMI), no entanto, permitiram maior controle da endogamia. Vários autores comprovaram que evitar acasalamento entre parentes pode reduzir a endogamia (Toro & Peres-Enciso, 1990; Leitch et al., 1994; Caballero et al., 1996; Wang, 1997; Cunha et al., 2003).

Quando utilizado o BLUP, não foram observadas diferenças nas taxas de aumento da endogamia nos sistemas de acasalamento EIC e EICMI. Entretanto, para o BLUPM, o sistema de acasalamento EICMI proporcionou maior controle da taxa de endogamia (Figura 2). O BLUPM, que utiliza a matriz de similaridade genética calculada por meio de marcadores, é mais eficiente em identificar alelos comuns aos indivíduos avaliados que o BLUP, que utiliza o parentesco médio. Desta forma, o BLUPM conduz a maiores taxas de endogamia (Figura 1) e a restrição de acasalamento entre irmãos completos e meio-irmãos torna-se mais eficiente no controle do aumento da taxa de endogamia que a restrição apenas de irmãos completos.

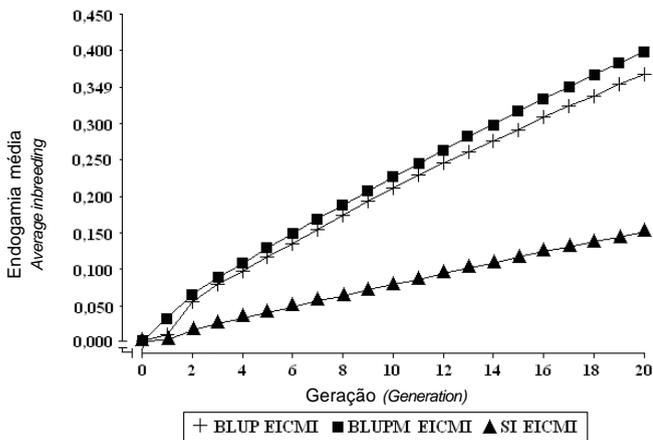
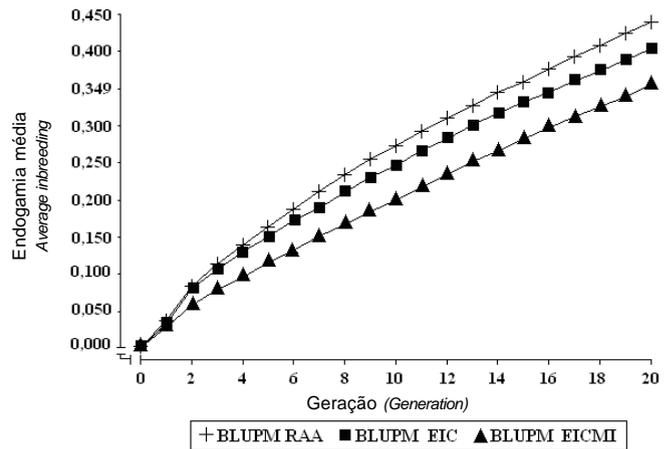
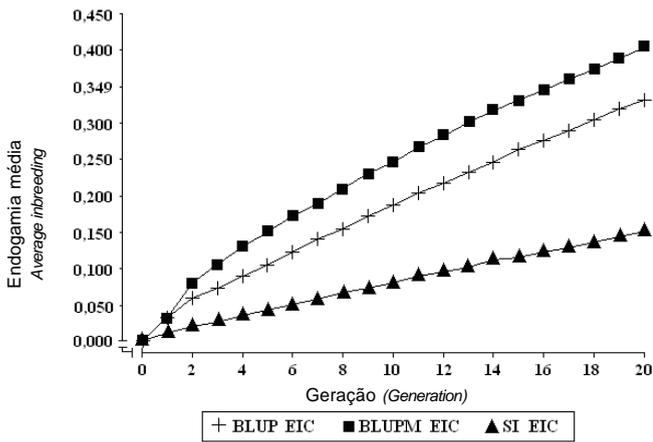
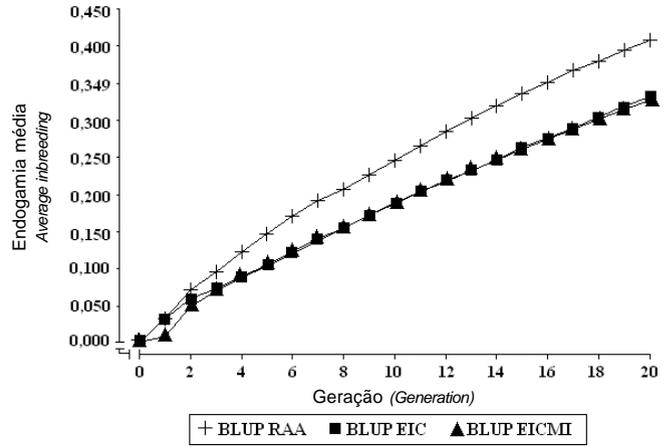
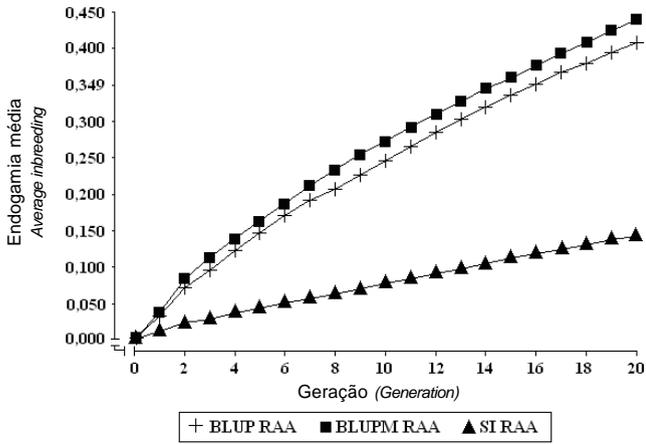


Figura 1 - Endogamia média obtida para reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA), com exclusão de irmãos completos (EIC) e de irmãos completos e meio-irmãos (EICMI), utilizando-se a seleção baseada nas estimativas BLUP, BLUPM e na seleção individual (SI).

Figure 1 - Mean inbreeding obtained through random mating of reproducers (RM), exclusion of full-sibs (EFS) and, exclusion of full-sibs and half-sibs; (EFSHS) using BLUP, BLUPM and individual selection (IS).

Figura 2 - Endogamia média obtida utilizando-se estimativas BLUP para reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA) com exclusão de irmãos completos (EIC) e de irmãos completos e meio-irmãos (EICMI).

Figure 2 - Mean inbreeding using BLUP at random mating of reproducers (RM), exclusion of full-sibs (EFS) and exclusion of full-sibs and half-sibs (EFSHS).

Nas Figuras 3 e 4 são apresentados os valores percentuais para as perdas por fixação de alelos desfavoráveis e para os ganhos por fixação de alelos favoráveis obtidos pela seleção baseada nos valores genéticos preditos pelo BLUP, pelo BLUPM e pela SI, sob cada um dos diferentes sistemas de acasalamento utilizados.

Aumentos nas taxas de fixação de alelos foram observados, tanto no sentido favorável quanto desfavorável, quando utilizados quaisquer dos métodos de seleção sob os diferentes sistemas de acasalamento. A existência de correlações genéticas positivas entre alelos favoráveis e desfavoráveis pode ter contribuído para maior fixação de alelos pelos métodos BLUP e BLUPM, indicando que, ao

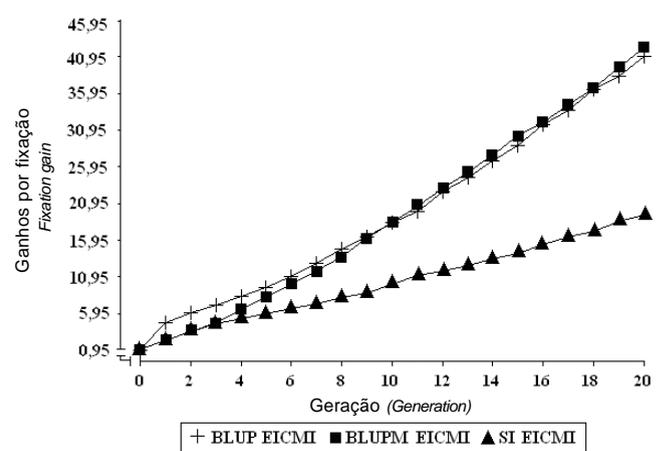
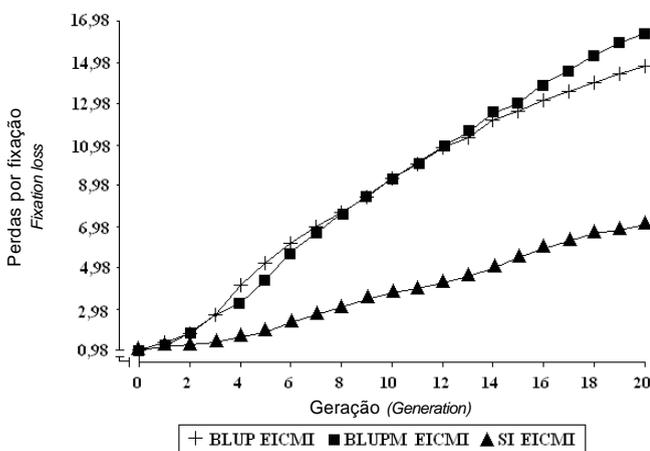
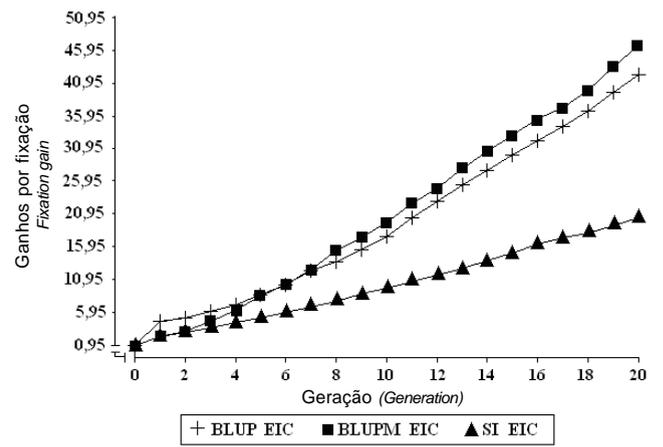
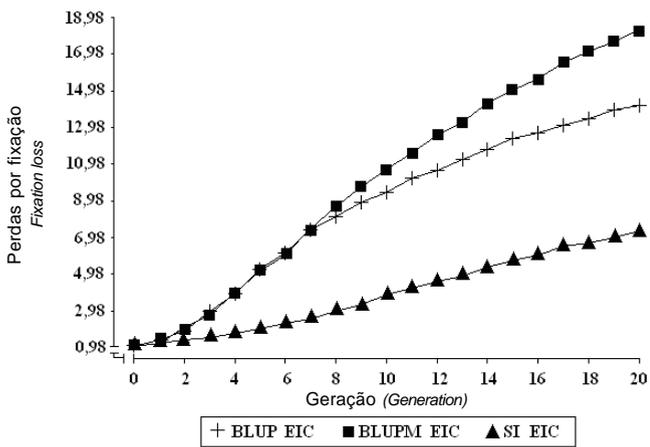
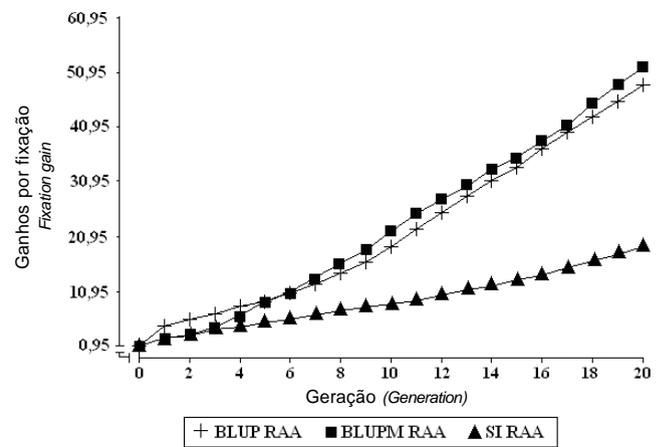
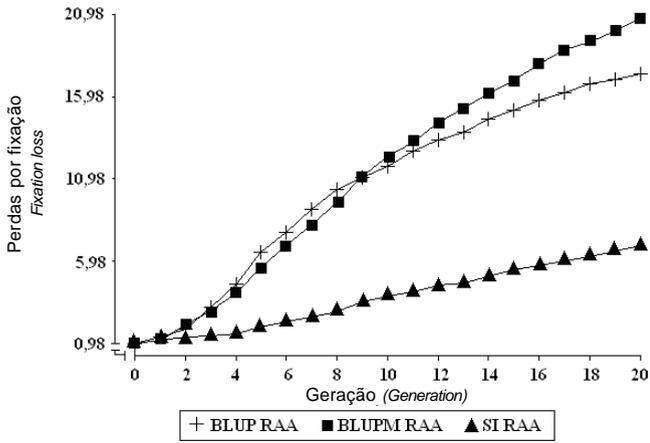


Figura 3 - Valores médios percentuais das perdas por fixação de alelos desfavoráveis para reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA), com exclusão de irmãos completos (EIC) e de irmãos completos e meio-irmãos (EICMI), utilizando-se BLUP, BLUPM e seleção individual (SI).

Figure 3 - Mean values, in percentage, of fixation loss of unfavorable alleles with random mating of reproducers (RM), exclusion of full-sibs (EFS) and exclusion of full-sibs and half-sibs; (EFSHS) using BLUP, BLUPM and Individual Selection (IS).

Figura 4 - Valores médios percentuais dos ganhos por fixação de alelos favoráveis para reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA), com exclusão de irmãos completos (EIC) e de irmãos completos e meio-irmãos (EICMI), utilizando-se BLUP, BLUPM e seleção individual (SI).

Figure 4 - Mean values, in percentage, of fixation gain of favorable alleles with random mating of reproducers (RM), exclusion of full-sibs (EFS) and exclusion of full-sibs and half-sibs; (EFSHS) using BLUP, BLUPM and Individual Selection (IS).

fixar alelos favoráveis, alguns desfavoráveis também podem ser fixados. Segundo Euclides (1996), o BLUP é capaz de localizar indivíduos portadores de locos quantitativos importantes e fixar seus alelos. Contudo, durante a fixação de alelos favoráveis, ocorrem perdas, ou seja, fixações nos alelos desfavoráveis de locos de menor importância.

Entre os métodos de seleção, a SI resultou em menores taxas de fixação de alelos, tanto favoráveis quanto desfavoráveis. Esse fato foi observado também por Euclides (1996), Carneiro et al. (1999) e Cunha et al. (2003). O uso da SI provoca menor redução da variabilidade genética e permite, portanto, alcançar depois de 30 gerações maiores ganhos genéticos que o BLUP, quando se trata da seleção de uma característica de baixa herdabilidade.

Quanto às perdas e aos ganhos pela fixação de alelos, o BLUPM tendeu a superar o BLUP no decorrer das gerações (6ª a 10ª), levando a maior percentual de alelos fixos, tanto favorável quanto desfavoravelmente, o que foi ocasionado pelo fato de os marcadores utilizados para calcular a similaridade genética serem jogados de forma aleatória no genoma, podendo marcar regiões de similaridade que tenham tanto alelos favoráveis quanto desfavoráveis.

Os sistemas que excluíram o acasalamento entre irmãos resultaram em menores perdas por fixação de alelos desfavoráveis nos métodos BLUP e BLUPM. Pode-se observar, pelo BLUPM, que as perdas por fixação de alelos desfavoráveis (Figura 3) foram em torno de 20,98; 18,98 e 16,98 unidades percentuais para os sistemas de acasalamento RAA, EIC e EICMI, respectivamente.

Na Figura 5 são apresentados os valores de limite da seleção sob os sistemas de acasalamento RAA, EIC e EICMI utilizando-se a seleção com base no BLUP, no BLUPM e na SI. Observou-se maior redução no limite da seleção para os métodos que utilizam a metodologia dos modelos mistos (BLUP e BLUPM). Nas gerações iniciais, o BLUP e o BLUPM tiveram redução semelhante no limite da seleção, entretanto, o BLUPM tendeu à maior redução no limite da seleção em torno da 10ª geração, para RAA e EIC, e em torno da 14ª geração para EICMI.

Os fatores que influenciam o limite da seleção avaliados neste estudo foram a fixação de alelos favoráveis e desfavoráveis. Os métodos que fixaram mais alelos favoráveis e desfavoráveis (BLUPM e BLUP) foram os que mais reduziram o limite da seleção. Avaliando o BLUPM (Figura 5), observou-se que o sistema que não excluía o acasalamento entre irmãos (RAA) levou à maior redução no limite da seleção, observando-se, depois de 20 gerações de seleção, os valores de 119,4; 124,3 e 128,1 para os sistemas RAA, EIC e EICMI, respectivamente. A maior redução no limite

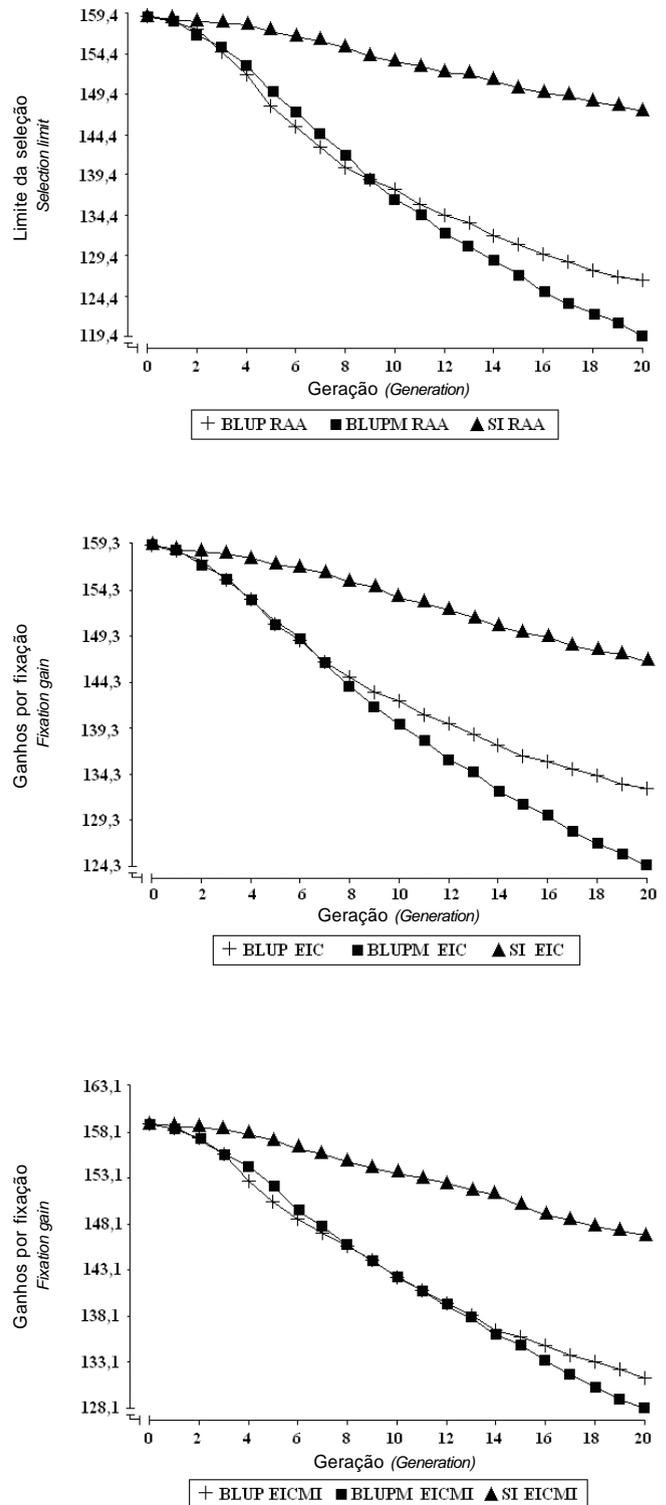


Figura 5 - Limite da seleção para reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA), com exclusão de irmãos completos (EIC) e exclusão de irmãos completos e meio-irmãos (EICMI), utilizando-se BLUP, BLUPM e seleção individual (SI).

Figure 5 - Selection limit with random mating of reproducers (RM), exclusion of full-sibs (EFS) and exclusion of full-sibs and half-sibs (EFSHS) using BLUP, BLUPM and individual selection (IS).

da seleção foi ocasionada pelo maior fixação de alelos (Figuras 3 e 4) pelo BLUPM.

## Conclusões

Os sistemas de acasalamento que excluem o acasalamento entre irmãos (EIC e EICMI) proporcionam menor incremento da endogamia, menores perdas pela fixação de alelos e menor redução no limite da seleção nos três métodos de seleção.

A resposta à seleção quando utilizados o BLUP e o BLUP M reduz a longo prazo, em virtude do incremento da endogamia, das perdas pela fixação e da redução no limite de seleção.

## Literatura Citada

- BELONSKY, G.M.; KENNEDY, B.W. Selection on individual phenotype and best linear unbiased predictor of breeding value in a closed swine herd. **Journal of Animal Science**, v.66, p.1124-1131, 1988.
- BIJMA, P.; WOOLLIAMS, J.A. Prediction of rates of inbreeding in populations selected on best linear unbiased prediction of breeding value. **Genetics**, v.156, p.361-373, 2000.
- BREDA, F.C.; EUCLYDES, R.F.; PEREIRA, C.S. et al. Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.2017-2025, 2004 (supl. 2).
- CABALLERO, A. Developments in the prediction of effective population size. **Heredity**, v.73, p.657-679, 1994.
- CABALLERO, A.; SANTIAGO, E.; TORO, M.A. Systems of mating to reduce inbreeding in selected populations. **Journal of Animal Science**, v.62, p.431-442, 1996.
- CARNEIRO, P.L.S.; EUCLYDES, R.F.; SILVA, M.A. et al. Efeito de erros de pedigree na seleção. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, p.269-274, 1999.
- CUNHA, E.E.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A. et al. Efeito de tipos de acasalamentos e razões sexuais na seleção baseada no BLUP. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.6, p.1297-1303, 2003.
- CUNHA, E.E.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A. et al. Variabilidade genética e limite da seleção em populações de diferentes tipos de acasalamento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.56, n.2, p.242-250, 2004.
- 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. Dissertação (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, 1996.
- EUCLYDES, R.F.; GUIMARÃES, S.E.F. Associação dos métodos tradicionais de seleção à seleção assistida por marcadores moleculares. **Revista Brasileira Reprodução Animal**, v.21, n.3, p.89-96, 1997. (Anais do I Fórum Nacional de Equideocultura. XII Congresso Brasileiro de Reprodução Animal).
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de Silva, M.A.; Silva, J.C. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1981. 279p.
- JEYARUBAN, M.G.; GIBSON, J.P.; GOWE, R.S. Comparison of index selection and best linear unbiased prediction for simulated layer poultry data. **Poultry Science**, v.74, p.1566-1576, 1995.
- KUHLERS, D.L.; KENNEDY, B.W. Effect of culling on selection response using phenotypic selection or best linear unbiased prediction of breeding values in small, closed herds of swine. **Journal of Animal Science**, v.70, p.2338-2348, 1992.
- LEITCH, H.W.; SMITH, C.; BURNSIDE, E.B. et al. Genetic response and inbreeding with different selection methods and mating designs for nucleus breeding programs of dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v.77, n.6, p.1702-1718, 1994.
- MUIR, W.M. [2000]. The interaction of selection intensity, inbreeding depression, and random genetic drift on short and long-term response to selection: Results using finite locus and finite population size models incorporating directional dominance. **Proceeding of the American society of Animal Science**. Disponível em: <<http://www.google.com.br/search?hl=pt&ie=UTF8&oe=UTF8&q=blup+and+genetic+drift&lr>> Acesso em: 25/08/2005.
- OLIVEIRA, J.A.; BASTOS, J.F.P.; TONHATI, H. Endogamia em um rebanho da raça Guzerá. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.4, p.721-728, 1999.
- QUINTON, M.; SMITH, C.; GODDARD, M.E. Comparison of selection methods at the same level of inbreeding. **Journal of Animal Science**, v.70, p.1060-1067, 1992.
- QUINTON, M.; SMITH, C. Comparison of evaluation-selection system for maximizing genetic response at same level of inbreeding. **Journal of Animal Science**, v.73, n.8, p.2208-2212, 1995.
- SANCHEZ, L.; TORO, M.A.; GARCIA, C. Improving the efficiency of artificial selection: more selection pressure with less inbreeding. **Genetics**, v.151, p.1103-1114, 1999.
- SILVA FILHO, J.L.; BEARZOTI, E.; RAMALHO, M.A.P. [2001]. **Uso de modelos mistos na análise de cruzamentos dialélicos de feijoeiro usando gerações F2**. Disponível em: <<http://www.nucleoestudo.ufla.br/gen/associados/resumos/congresso/joaluissilvafilho.htm>> Acesso em: 25/06/03.
- SILVA, M.V.G.B.; FERREIRA, W.J.; COBUCCI, J.A. et al. Efeito da endogamia sobre características produtivas e reprodutivas de bovinos do ecótipo Mantiqueira. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.4, p.1236-1242, 2001.
- TORO, M.A.; PEREZ-ENCISO, M. Optimization of selection response under restricted inbreeding. **Genetic, Selection and Evolution**, v.22, p.93-107, 1990.
- WANG, J. Effect of excluding sib matings on inbreeding coefficient and effective size of diploid populations. **Biometrics**, v.53, p.1354-1365, 1997.