

ENDOCRUZAMENTO EM POPULAÇÕES BOVINAS¹

ROBERTO GOMES DA SILVA²

RESUMO - Foram comparados três métodos de reprodução (monta natural (MN), inseminação artificial (IA), e transferência de embriões (TE), quanto aos efeitos sobre o coeficiente do endocruzamento de uma hipotética população de 200.000 indivíduos, ao longo de dez gerações. Foram considerados: ausência de mutação, 100% de fecundidade e de nascimentos, número constante da população, acasalamentos aleatórios, número variável de filhos por macho e por fêmea, taxa de 50% de renovação de reprodutores por geração, variância ambiental constante, e variância genética totalmente aditiva. Os resultados indicaram que, nas condições do modelo usado, a MN afeta o coeficiente "f" do endocruzamento somente se a população for dividida em partes isoladas, e que a IA e a TE o afeta em 0,3% e 2,5%, respectivamente, por geração. A frequência de homozigotos recessivos cresce, na ausência de seleção; mas decresce rapidamente tanto na IA como na TE, se a seleção for feita em desfavor deles. Na MN, a variância genética dos caracteres quantitativos apresenta, na população total, certo aumento, decrescendo, porém, na IA, bem como TE - efeito, esse, tanto mais pronunciado quanto maior for o valor de herdabilidade.

Termos para indexação: endocruzamento, reprodução, genética, bovinos.

INBREEDING IN CATTLE POPULATIONS UNDER NATURAL SERVICE, ARTIFICIAL INSEMINATION AND EMBRYO TRANSFER

ABSTRACT - Three methods of reproduction (natural breeding, artificial insemination, and embryo transfer) were compared with respect to their effects upon the inbreeding coefficient of a hypothetical 200,000 cattle population, ten successive generations along, under the following assumptions: no mutation, 100% of fertility and 100% of calving, constant effective population number, random mating, variable number of offspring per sire and per dam, sire and dam replacement rate of 50% per generation, constant environmental variance, and full additive genetic variance. The results indicated that under the conditions of the used model, natural breeding affects the inbreeding coefficient f only if the population is subdivided into isolates; artificial insemination and embryo transfer cause increases of about 0.3% and 2.5% per generation respectively in the value of f . The frequency of recessive homozygotes increases in the absence of selection, but decreases rapidly if selection is carried against them, both under artificial insemination and embryo transfer. Under natural service, genetic variance of quantitative characters in the over-all population increases slightly, but decreases rapidly under artificial insemination and embryo transfer, this effect being more pronounced as higher is the value of heritability.

Index terms: inbreeding, reproduction, genetics, cattle.

INTRODUÇÃO

Tem sido comentado, com alguma frequência, que o emprego de inseminação artificial (IA), em larga escala, na reprodução de animais domésticos, em particular dos bovinos, poderia levar a um aumento, perigoso, do coeficiente de endocruzamento (*inbreeding*) das populações, com consequências sobre a fertilidade, manifestações de caracteres recessivos, e diminuição do progresso genético em caracteres ligados à produtividade.

Lush (1968), referindo-se à estrutura do sistema de IA nos EUA em relação ao modelo europeu, reconheceu a existência do risco de endocruza-

mento; porém, ressaltou que o grande número de centrais de IA, em competição mútua, poderia constituir uma forma de seguro contra a substituição dos perigos do endocruzamento. Por outro lado, Johansson (1968) apresentou opinião de que a heterozigose não diminuiria muito ao se selecionar para caracteres quantitativos, mesmo com intenso uso da IA; e Robertson (1968) afirmou, por sua vez, que na Grã-Bretanha, o efeito da IA sobre a estrutura dos rebanhos (e inclusive do ponto de vista do endocruzamento) tem sido menor do que era esperado. Este último autor informou, ainda, que na Dinamarca, onde a IA predomina absolutamente, em uma população limitada e fechada de gado "Dinamarquês Vermelho", estudos demonstraram o resultado surpreendente de que a taxa de endocruzamento diminuiu nos últimos anos, possivelmente devido ao fato de que no passado a escolha dos reprodutores baseava-se no

¹ Aceito para publicação em 26 de junho de 1979.

² Med. Vet., Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Campus de Jaboticabal, CEP 14.870 - Jaboticabal, SP.

pedigree, o que, freqüentemente, conduzia a uma reprodução predominantemente endogâmica; no atual regime de IA, os animais são selecionados pelo mérito individual.

Em vista da importância que a IA vem assumindo em nosso País, como meio de reprodução de animais domésticos, julgamos que os aspectos associados ao endocruzamento deveriam merecer uma atenção maior que aquela que vêm tendo, especialmente porque a seleção dos reprodutores é, ainda, feita mais na base do respectivo *pedigree* na determinação do valor genético individual, principalmente no gado zebuino.

Endocruzamento em populações finitas

Sabe-se que em populações finitas ocorre, sempre, consangüinidade em algum grau, mesmo que os acasalamentos sejam aleatórios, refletindo-se nas freqüências de certos genes, e, conseqüentemente, na variação de características quantitativas. Esta fonte de variação (*random genetic drift*) é inversamente relacionada com o tamanho da população e com o número de reprodutores, nas quais se baseiam alguns dos métodos propostos para estimar a evolução do coeficiente de endocruzamento.

Por exemplo, Robertson (1954) estabeleceu a seguinte fórmula para estimar o coeficiente de endocruzamento, f , numa geração t :

$$f_t = 1/8 [1/(4N_1) + 3/(4N_2)], \quad (1)$$

onde N_1 e N_2 são os números de machos e de fêmeas em reprodução, respectivamente. Foi esta a fórmula usada por Johansson (1968) para estimar a variação de f no programa norueguês de IA, tendo então estimado que o endocruzamento deveria aumentar na proporção de 0,5 a 1,0% por geração. Entretanto, este autor reconheceu que a fórmula (1) é aplicável a modelos populacionais muito restritos e algo distantes das condições reais dos rebanhos.

Bem mais conhecida é a equação

$$f_t = 1/(2N)(1 + f_{t-2}) + (1 - 1/N)f_{t-1} \quad (2)$$

onde N é o tamanho da população ($N = N_1 + N_2$). Esta fórmula pode ser encontrada por exemplo, em Kempthorne (1969) e em Crow & Kimura (1970). No caso de animais domésticos, nos quais as proporções de machos e de fêmeas são diferentes, é mais conveniente substituir N pelo tamanho efetivo da população, o qual é dado

por

$$N_e = (4N_1N_2)/(N_1 + N_2) \quad (3)$$

conforme Wright (1931). Quando $N_1 = N_2$ ocorre que $N = N_e$ isto é, N_e atinge seu valor máximo, caso em que o aumento no coeficiente de endocruzamento numa população entre uma geração e outra será mínimo, na razão inversa do valor de N_e (considerando-se que os acasalamentos são aleatórios). Mas se o número de fêmeas for muito grande em relação ao de machos, o valor de N_e tenderá a diminuir inversamente, pelo que se espera assim um maior aumento em f . Tal é o caso geral dos bovinos, especialmente em regime de IA, no qual um número muito grande de vacas é servido por um pequeno núcleo de touros.

Não importa que N_e permaneça pequeno e constante ou que aumente progressivamente numa geração para outra: no caso de populações finitas acasalando-se ao acaso, o coeficiente médio de endocruzamento tenderá a aumentar, em ausência de seleção e de mutação (Malécot 1966).

A equação (2) presume que cada reprodutor (macho ou fêmea) tenha a mesma probabilidade de produção de progênie, ou seja, um indivíduo da geração t tomado ao acaso, pode ter por pais quaisquer machos e fêmeas da geração $t-1$. Na realidade, existem diferenças individuais quanto à fertilidade, além de que certos indivíduos têm maiores chances que outros de gerar grande número de filhos, por diversos motivos. Por outro lado, o número de filhos nascidos de um reprodutor dado não corresponde, necessariamente, ao número de filhos deste mesmo reprodutor que de fato atingem a função reprodutiva. E, de um estrito ponto de vista genético, só as progênies que chegam a reproduzir-se por sua vez é que devem ser consideradas, já que apenas estas irão perpetuar na população o genótipo dos pais. Portanto, é necessário levar em consideração tais diferenças no número de filhos de um reprodutor que nascem e no número dos que chegam à reprodução. Jacquard (1974) e Crow & Kimura (1970) discutiram este aspecto, tendo, o primeiro, apresentado fórmulas para a respectiva correção do tamanho efetivo da população, como se segue.

Seja $n\Pi_1^{(t)}$ a proporção de machos ($i = 1$) ou de fêmeas ($i = 2$) que têm n filhos atingindo a

idade de reprodução na geração t. O número de filhos dos machos ou das fêmeas tomados ao acaso na população são, neste caso, variáveis aleatórias com médias

$$\bar{n}_i(t) = \sum_{n_i} n_i \Pi_i(t) \quad (4)$$

e variâncias

$$V_i(t) = \sum_{n_i} n_i^2 \Pi_i(t) - [\bar{n}_i(t)]^2 \quad (5)$$

Os valores acima, conforme Jacquard (1974), são usados para ajustar a N_e o qual, no caso de o tamanho da população permanecer constante ao longo das gerações (bem como as proporções de macho e de fêmeas), é estimado por

$$1/N_e = N/(N-1) \sum_{i=1}^2 (4N_i)(V_i/n_i^2 - 1/n_i + 1) \quad (6)$$

onde \bar{n}_i é o número médio de filhos de machos (ou de fêmeas) que atingem a reprodução; V_i é a respectiva variância, e N_i o número de machos ou fêmeas em reprodução, sendo que $\sum N_i = N$.

Esta fórmula, bem como a (2), aplicam-se aos casos em que as gerações são discretas. Nei & Imaizumi (1966), Felsenstein (1971) e Crow & Kimura (1972) desenvolveram equações para a estimação de N_e nos casos de gerações sobrepostas (*overlapping generations*), porém as mesmas são aplicáveis apenas a populações nas quais a esperança do tamanho médio da progênie é a mesma para cada indivíduo de determinada idade, tal como numa população humana, sendo de difícil adaptação para o nosso caso presente.

MATERIAL E MÉTODOS

Seja uma população hipotética de 200.000 bovinos, constante através das gerações. Nesta população, na qual não se considera a ocorrência de mutação e de imigração, as proporções de machos e de fêmeas usados na reprodução são diferentes entre si e constantes no tempo. Os acasalamentos são inteiramente aleatórios entre os reprodutores, e o número de filhos de cada um é variável. Finalmente, a variação fenotípica é definida como $\sigma_F^2 = \sigma_G^2 + \sigma_A^2$ onde σ_G^2 é um componente inteiramente constituído por variância genética aditiva, e σ_A^2 é a variância ambiental, constante.

Três casos foram considerados quanto ao método de reprodução da população acima:

1. Monta natural ($N_1 = 4.000$ e $N_2 = 100.000$),

2. Inseminação artificial ($N_1 = 100$ e $N_2 = 100.000$),

3. Transplante de embriões ($N_1 = 100$ e $N_2 = 10.000$), sendo N_1 o número de reprodutores machos e N_2 o de fêmeas.

Na Tabela 1, estão mostradas as constituições da população em termos de distribuição dos reprodutores segundo o número de seus filhos, que são aproveitados na reprodução por monta natural, inseminação artificial e transplante de embriões, respectivamente. Neste rebanho hipotético, devem nascer pelo menos 100.000 bezerros por geração, em qualquer dos três casos acima, considerando-se taxas de fecundação e de nascimentos de 100%.

Em cada geração, o coeficiente de endocruzamento foi estimado pela equação (2), na qual se substitui N pelo valor de N_e obtido através da equação (6). Na estimativa de N_e foram ainda usadas as fórmulas (4) e (5).

Foram ainda examinadas duas conseqüências da variação da taxa de endocruzamento: a frequência de um gene recessivo raro, com e sem seleção, contra o homocigoto recessivo, e b. Efeito sobre a variância genética de um caráter quantitativo.

No primeiro caso, foram usadas as fórmulas usuais (por exemplo, ver Crow & Kimura 1970, pg. 65). No segundo caso, tivemos que partir de uma posição um tanto teórica, pois se trata de matéria pouco abordada de um ponto de vista mais prático.

No regime de MN, a tendência das populações bovinas é para a constituição de grupos relativamente isolados entre si, pois os reprodutores dificilmente podem ser compartilhados amplamente pelas subpopulações ou rebanhos, e, de um modo geral, sua influência se circunscreve a um ou dois rebanhos. Desta forma, tender-se-ia a aumentar a variação entre rebanhos e a diminuir a variação dentro dos mesmos, ocorrendo um aumento na variação total de um caráter quantitativo da população, expresso pela equação

$$\begin{aligned} \sigma_{F_t}^2 &= \sigma_{F_{t-1}}^2 (1 + f_{t-1}) \\ &= \sigma_{F_{t-1}}^2 (1 - f_{t-1}) + \sigma_{F_{t-1}}^2 2f_{t-1} \end{aligned} \quad (7)$$

onde $\sigma_{F_t}^2$ é a variação fenotípica na geração t. O primeiro termo da equação (7) representa a variância dentro dos grupos, e o segundo termo, a

TABELA 1. Proporções de reprodutores ($n\Pi_1^{(t)}$) com progênes selecionadas para a reprodução na geração seguinte, em uma população hipotética de 200.000 bovinos, considerando-se uma taxa de substituição de 50% dos reprodutores por geração e reprodução através de monta natural (MN), inseminação artificial (IA) e transferência de embriões (TE)

Número de progênes aproveitadas na reprodução (n)			Reprodutores com n progênes					
			Número k			Proporção $n\Pi_1^{(t)}$		
MN	IA	TE	MN	IA	TE	MN	IA	TE
Touros								
25	2.000	2.000	126	10	1	0,0315	0,1	0,01
19	1.000	1.000	1.000	15	1	0,25	0,15	0,01
13	500	200	2.000	20	5	0,5	0,2	0,05
7	250	100	500	15	10	0,125	0,15	0,1
1	125	50	350	10	1	0,0875	0,1	0,01
0	50	0	24	1	82	0,0006	0,01	0,82
	0			29			0,29	
52.000	Σnk 50.050	5.050	4.000	N_1 100	100			
Vacas								
1	1	20	52.000	50.050	50	0,52	0,5005	0,005
0	0	15	48.000	49.950	100	0,48	0,4995	0,01
		10			200			0,02
		5			100			0,01
		2			25			0,0025
		0			9.525			0,9225
52.000	Σnk 50.050	5.050	100.000	N_2 100.000	10.000			

variância entre grupos.

No caso, porém, de os reprodutores serem usados aleatoriamente e trocados entre os diversos grupos ou rebanhos, como na IA, então a tendência geral será para a diminuição da variância total, ou seja,

$$\sigma_{F_t}^2 = \sigma_{F_{t-1}}^2 (1 - f_{t-1}). \tag{8}$$

Lerner (1950), ao atribuir a uma população finita, em processo de endocruzamento, uma redução no coeficiente de herdabilidade (h^2) de caracteres quantitativos, apresentou a fórmula

$$h_t^2 = (1 - f_{t-1}) h_{t-1}^2 / (1 - f_{t-1} h_{t-1}^2),$$

fórmula esta que equivale de fato a

$$h_t^2 = \sigma_{G_{t-1}}^2 / (\sigma_{G_{t-1}}^2 + \sigma_A^2),$$

conforme Silva (1975), e onde $\sigma_{G_t}^2$ é a variância genética aditiva na geração t, dada pela equação

(8) substituindo-se nesta o subscrito F por G. Justifica-se, desta forma, o emprego da equação (8) para os casos de inseminação artificial e transplante de embriões, e da fórmula (7) para a monta natural, no presente trabalho.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A Figura 1 mostra as diferenças entre as três modalidades de reprodução quanto aos efeitos sobre o coeficiente de endocruzamento da população considerada.

No presente modelo populacional, a IA ocasiona aumentos da ordem de apenas 0,3% por geração em f, valor bem abaixo dos 0,5 ou 1,0% referidos por Johansson (1968).

Em MN, se levarmos em conta a existência de um intercâmbio ativo e aleatório de reprodutores (ou seja, que os mesmos são empregados ao

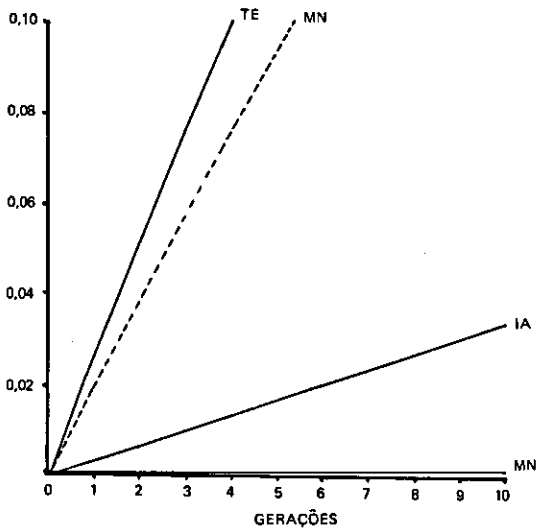


FIG. 1. Evolução do coeficiente de endocruzamento, f , numa população hipotética de 200.000 bovinos reproduzindo-se ao acaso por três métodos diferentes e considerando-se apenas a deriva genética. A linha pontilhada refere-se a uma população dividida em 500 subpopulações fechadas reproduzindo-se por monta natural. (MN = monta natural, IA = inseminação artificial, TE = transplante de embriões).

acaso sobre a população, de tal maneira que todas as vacas têm igual probabilidade de serem acasaladas com determinado touro), então f sofrerá um aumento desprezível, mesmo após dez gerações sucessivas. Mas, se considerarmos o caso oposto, aquele em que a população é dividida em grupos fechados, não havendo trocas de material genético entre eles, o resultado será diferente. Suponhamos que a população de 200.000 animais seja constituída por 500 rebanhos, cada um com 200 vacas e oito touros em reprodução ao acaso. A taxa de aumento do coeficiente de endocruzamento será, então, da ordem de 2% em cada rebanho, em cada geração; a média populacional será a média aritmética dos rebanhos.

Certamente, os dois casos acima referidos para MN são extremos, e as populações reais devem achar-se em posição intermediária entre ambos. Há alguns pontos a destacar: em primeiro lugar, nós presumimos que os acasalamentos são aleatórios, o que quase nunca ocorre numa população real de animais domésticos; em segundo lugar, os reprodutores selecionados são freqüentemente aparentados entre si em algum grau (no caso dos

bovinos). É provável que isso cause um aumento em f maior que o aqui estimado, numa população real.

Em nosso modelo populacional, existem probabilidades de cerca de $1/(N_1N_2)$ para os acasalamentos entre irmãos completos e de $(N_1 + N_2 - 2)/(N_1N_2)$ para os acasalamentos entre meios-irmãos, bastante pequenas relativamente à probabilidade de uniões entre não-parentes e entre indivíduos com outros graus de parentesco, que é $(N_1-1)(N_2-1)/(N_1N_2)$, segundo Wrigth (1931); entretanto, sendo alta a herdabilidade da característica ou critério de seleção, o coeficiente f tenderá a ser mais elevado do que nos casos de seleção pelo mérito individual ou quando a herdabilidade é baixa.

Seria possível, na prática, limitar a um mínimo os acasalamentos entre parentes próximos. McCluer & Schull (1970) afirmam que a proibição de acasalamentos incestuosos de fato limitaria o aumento de f . Entretanto, Jacquard (1974) apresentou provas de que evitar tais acasalamentos não impede o aumento progressivo do endocruzamento. De qualquer forma, como vimos, a pequena probabilidade de acasalamentos de parentes muito próximos torna praticamente inócua a proibição de acasalamentos consanguíneos, a qual não contribuirá significativamente para manter baixo o valor de f , a não ser que a população seja pequena.

Efeito sobre a manifestação de caracteres recessivos

Uma importante conseqüência do aumento da taxa de endocruzamento numa população é representada pela crescente probabilidade de manifestação de caracteres recessivos de efeito deletério, e parece ser esta a causa principal da diminuição da fertilidade e do vigor geral dos indivíduos observada com freqüência em populações com elevados coeficientes de endocruzamento. Acredita-se que esse efeito seja devido a serem, os genes favoráveis, em geral, dominantes, e ainda à seleção favorável aos heterozigotos, - duas hipóteses não mutuamente exclusivas. Mas a explicação mais aceitável é que, devido aos efeitos da seleção natural, é praticamente impossível a sobrevivência de genes muito deletérios com caráter dominante, pelo que somente os recessivos permanecem, man-

tidos principalmente em heterozigose.

A este respeito, é interessante lembrar que Hierl (1976) observou em gado criado a campo, na Baviera, uma significativa variação na eficiência reprodutiva (10 a 70%) acompanhando diretamente o nível de heterozigose, o qual foi estimado através de análise de diversos *loci* ligados a polimorfismos protéicos e tipos sanguíneos.

Consideremos, no caso presente, um *locus* simples, com dois alelos em dominância completa, apresentando o recessivo uma freqüência populacional $q = 0,01$. Na Figura 2, observamos que, não sendo feita seleção completa contra os homozigotos recessivos, a tendência é para o rápido aumento no número de indivíduos afetados na população. Tal aumento é bastante significativo no caso da IA e sobretudo do TE; neste último, a freqüência dos homozigotos recessivos decuplica em cerca de quatro gerações. O aumento, evidentemente, será tanto mais rápido quanto menor for a população.

Suponhamos, agora, que a população seja subdividida em 500 rebanhos de 200 vacas e oito touros

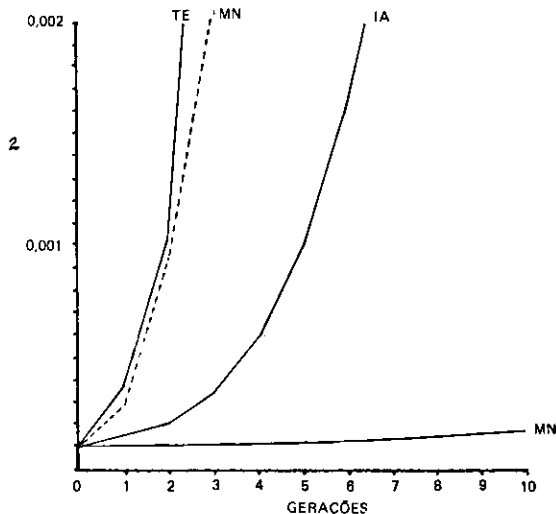


FIG. 2. Freqüência de homozigotos recessivos para um *locus* simples em uma população hipotética de 200.000 bovinos reproduzindo-se por três métodos diferentes, em função do aumento do coeficiente de endocruzamento por deriva genética aleatória. Não há seleção contra o homozigoto recessivo. A linha pontilhada se refere a uma população dividida em 500 subpopulações fechadas reproduzindo-se por monta natural. (MN = monta natural, IA = inseminação artificial, TE = transplante de embriões).

cada um, isolados entre si; seja a freqüência inicial de um gene recessivo $q_0 = 0,01$ em todos os rebanhos. Em cada um deles, então, sob MN, o progresso da freqüência de indivíduos afetados (homozigotos recessivos) será o indicado pela linha pontilhada na Figura 2. No caso de o referido alelo apresentar uma freqüência inicial significativa apenas em um ou poucos rebanhos, apenas nestes haverá grandes aumentos na freqüência de indivíduos afetados, permanecendo baixa a freqüência populacional total. É o que ocorre geralmente nas populações reais. Supondo que nestas o aumento de indivíduos afetados siga uma curva intermediária entre os dois casos extremos (subdivisão em isolados e panmixia total), é possível que essa curva tenha um traçado inferior ao correspondente à IA, ou pelo menos aproximado deste. Mas mesmo assim, é preciso recordar que a IA, como o TE, permite uma disseminação de genótipos em toda a população, ao passo que por MN, parte da população sempre será poupada.

Na Figura 3, temos o caso em que é efetuada uma seleção completa contra os homozigotos

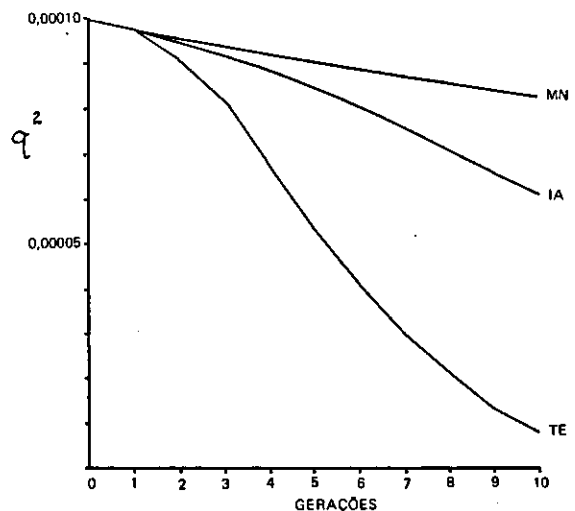


FIG. 3. Freqüência de homozigotos recessivos para um *locus* simples em uma população hipotética de 200.000 bovinos reproduzindo-se por três métodos diferentes, em função do aumento do coeficiente de endocruzamento por deriva genética aleatória. Existe seleção contra o homozigoto recessivo. (MN = monta natural, IA = inseminação artificial, TE = transplante de embriões).

recessivos. A situação, então, se inverte: enquanto que, na ausência de seleção e de subdivisão da população, a MN é o método de reprodução que menos aumento causa na frequência de indivíduos afetados na população, em presença de seleção é aquele que maiores dificuldades causa. O método de reprodução mais eficiente é, neste caso, o TE, pois permite uma rápida diminuição no número de indivíduos afetados na população. É interessante notar que na primeira geração, os três métodos de reprodução praticamente se equivalem, porém com o TE a ocorrência de indivíduos afetados reduz-se rapidamente, em seguida, até à 6a. ou 7a. geração, e depois cada vez mais lentamente. Desta forma, uma população pode ser "depurada" de certos genótipos indesejáveis, num prazo relativamente curto, mesmo que não se faça seleção paralela contra os heterozigotos. É claro, ainda, que não há aí qualquer motivo para demasiado otimismo, já que a mutação substitui, mais cedo ou mais tarde, um alelo eliminado, numa população real.

Efeito sobre caracteres quantitativos

Suponhamos, em nosso modelo populacional, uma característica qualquer com variância fenotípica na geração inicial $\sigma_{F_0}^2 = 1,0$, e consideremos

dois níveis diferentes de herdabilidade para essa característica, $h^2=0,2$ e $h^2=0,8$.

Aplicando, então, as equações (7) para MN e (8) para IA e TE, estimamos, para cada geração t ($t=1, \dots, 10$), o valor da variância genética aditiva. Os resultados estão nas Figuras 4 e 5.

Verificamos que o uso de MN sem subdivisão e em panmixia completa provoca pouca variação no coeficiente f , desta forma afetando muito pouco a variância genética, qualquer que seja o nível de herdabilidade da característica. Por outro lado, a IA provoca uma significativa diminuição de σ_G^2 apenas a partir da 4a. ou 5a. geração, o que pode indicar que, mesmo nas condições de uso intensivo da IA, numa população com as características do nosso modelo, continua a existir, a médio prazo, muita variação genética disponível (considere-se que o intervalo médio entre gerações nos bovinos é de cerca de cinco anos). Não se justifica, assim, um temor exagerado de defeitos deletérios decorrentes do emprego intensivo de IA em um programa de melhoramento de características quantitativas de bovinos, em particular se os respectivos coeficientes de herdabilidade forem baixos. Exceto, é claro, se a seleção

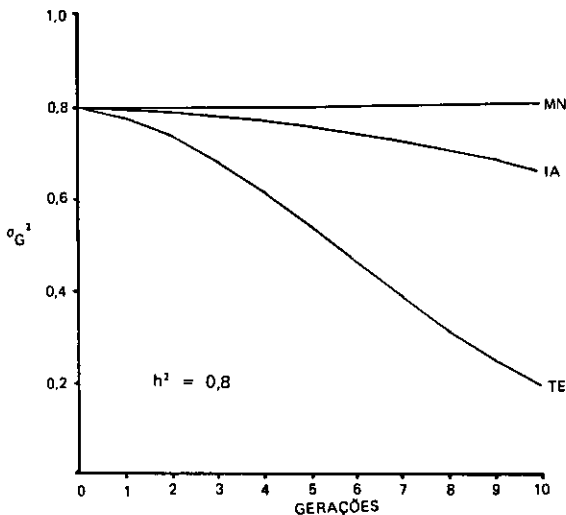


FIG. 4. Efeito do endocruzamento sobre a variância genética aditiva de um caráter em uma população bovina hipotética de 200.000 indivíduos sujeitos a três tipos de reprodução (MN = monta natural, IA = inseminação artificial, TE = transplante de embriões). Coeficiente de herdabilidade $h^2=0,80$.

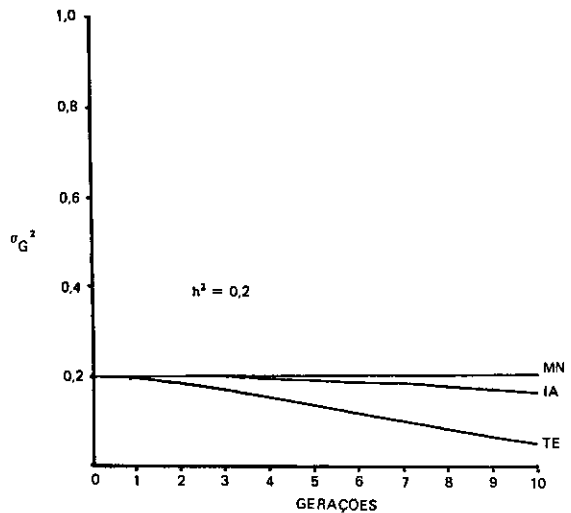


FIG. 5. Efeito do endocruzamento sobre a variância genética aditiva de um caráter em uma população bovina hipotética de 200.000 indivíduos sujeitos a três tipos de reprodução (MN = monta natural, IA = inseminação artificial, TE = transplante de embriões). Coeficiente de herdabilidade $h^2=0,20$.

dos touros não for eficiente.

Robertson (1968) refere que vacas provindas de acasalamentos pais-filhas produzem cerca de 8% de leite menos que suas irmãs provenientes de acasalamentos não consangüíneos, o que constituiria uma redução de cerca de 0,3% na produção de leite para cada 1% de aumento no coeficiente f . Além de tal taxa de depressão ser baixa - considerando que no nosso caso houve uma estimativa de aumento de f de apenas 0,3% por geração através da IA - isso ocorre de forma visível apenas em rebanhos sob regime de endogamia programada, nos quais a variação de f é, por vezes, considerável.

No caso de gado de corte, não há, ainda, informação a respeito de fatos semelhantes, mas pelos nossos resultados, parece ser possível que devam ser esperados maiores problemas que no caso do gado leiteiro, devido à herdabilidade relativamente alta das características econômicas desse tipo de gado.

Por outro lado, com o emprego intensivo do TE por mais que três a quatro gerações deve ser esperada uma rápida diminuição na variação genética disponível, e será então provável que os programas de melhoramento de determinadas características atinjam um impasse, o qual só poderá ser ultrapassado pela introdução de novo material genético através de mutação, e, principalmente, pela imigração.

Finalmente, deve ser lembrado que o pouco efeito (positivo) da monta natural sobre a variância, tal como foi aqui observado, foi devido ao fato de a população ter sido suposta em panmixia total. Na realidade, pela equação (7) podemos esperar que ocorram significativas depressões na variância de caracteres quantitativos dentro das subpopulações ou rebanhos, mais acentuadamente em alguns e menos ou nada em outros, aumentando provavelmente bastante as diferenças entre esses grupos.

CONCLUSÕES

1. Nas condições do presente modelo populacional, o emprego de IA em larga escala não aumenta o coeficiente de endocruzamento mais que 0,3% por geração, ao passo que a subdivisão da população em isolados reproduzindo-se por monta natu-

ral resulta em incrementos da ordem de 2% por geração nesse coeficiente. O uso de transplante de embrião como método exclusivo ou predominante de reprodução causa aumentos de 2,5% por geração.

2. Nas atuais condições dos rebanhos reais, espera-se que a IA apresente resultados mais favoráveis que a monta natural, quanto ao aumento no coeficiente de endocruzamento.

3. O risco de aumento na freqüência de homozigotos recessivos na população é maior quando se usa intensamente a IA do que a MN, mesmo que neste caso se trate de população subdividida em isolados. No caso da MN, a freqüência de homozigotos aumenta em frações isoladas da população, enquanto que em regime de IA, os indivíduos afetados espalham-se por toda a população, dependendo, evidentemente, da freqüência do alelo recessivo.

4. O efeito depressor do endocruzamento sobre a variância de caracteres quantitativos é maior quando é empregado o TE, não havendo diferença entre a IA e a MN nas duas primeiras gerações, para todos os efeitos práticos. Tal depressão é mais acentuada no caso de a característica em questão apresentar elevado coeficiente de herdabilidade.

5. O emprego de IA em larga escala, nas condições do presente modelo populacional, não deve constituir risco imediato de aumentos significativos no coeficiente de endocruzamento ou de diminuição da variância genética do gado leiteiro, porém no caso do gado de corte devem ser evitados, tanto quanto possível, os acasalamentos em consangüinidade estreita, particularmente se o tamanho da população ou raça não for muito expressivo.

REFERÊNCIAS

- CROW, J.F. & KIMURA, M. The effective number of a population with overlapping generations; a correction and further discussion. *Amer. J. Hum. Genetic.*, 24:1-10, 1972.
- An introduction to population genetics theory. New York, Harper & Row, 1970. 591 p.
- FELSENSTEIN, J. Inbreeding and variance effective numbers in populations with overlapping generations. *Genetics*, 65:581-97, 1971.
- HIERL, H.F. Beziehungen zwischen dem Heterozygotiergrad, geschätzt aus Markengenen, und der Fruchtbarkeit beim Rind. II. Heterozigotie und

- Fruchtbarkeit. Theoret. Appl. Genet., 47:77-84, 1976.
- JACQUARD, A. The genetic structure of populations. Berlin, Springer Verlag, 1974. 569 p.
- JOHANSSON, I. Animal breeding research and application present and future (Europe). In: SYMPOSIUM ON ANIMAL BREEDING IN THE AGE OF A.I., Madison, Univ. Wisconsin, 1968. Proceedings. Madison, 1974. p. 25-49.
- KEMPTHORNE, O. An introduction to genetic statistics. Ames, Iowa State University Press, 1969. 545 p.
- LERNER, I.M. Population genetics and animal improvement. Cambridge, Cambridge University Press, 1950. p. 169.
- LUSH, J.L. Animal breeding research and application present and future (North America). In: SYMPOSIUM ON ANIMAL BREEDING IN THE AGE OF A.I., Madison, Univ. Wisconsin, 1968. Proceedings. Madison, 1968. p. 8-24.
- MCCLUER, J.W. & SCHULL, W.J. Estimating the effective size of human populations. Amer. J. Hum. Genet., 22:176-83, 1970.
- MALÉCOT, G. Probabilités et hérédité. Paris, Presses Universitaires de France, 1966. (INED. Cahier, 47).
- NEI, M. & IMAIZUMI, Y. Genetic structure of populations. II. Differentiation of blood group gene frequencies among isolated populations. Heredity, 21:183-90, 1966.
- ROBERTSON, A. A.I. and livestock improvement. In: Advances in genetics VI. s.l., 1954. p. 451-72.
- Inbreeding in artificial insemination. In: INTERNATIONAL CONGRESS ANIMAL REPRODUCTION ARTIFICIAL INSEMINATION, 6., Paris, 1968. Proceedings II. Paris, 1968. p. 1317-24.
- SILVA, R.G. Índices de seleção para ganho de peso e tolerância ao calor no gado Canchim e progresso genético esperado em população simulada. Ribeirão Preto. Universidade de São Paulo, 1975. Tese de Doutorado.
- WRIGTH, S. Evolution in Mendelian populations. Genetics, 16:97-159, 1931.