

SELECCIÓN Y MULTIPLICACIÓN DE RECURSOS GENÉTICOS PORCINOS A TRAVÉS DEL USO DE DADOS SIMULADOS

E.E. CUNHA¹; P.L.S. CARNEIRO²; R.F. EUCLYDES³; R.A. TORRES³; J.R.B. SERENO⁴; M.V.G. BARBOSA DA SILVA⁵

¹ Universidade Federal de Viçosa-UFV, CEP 36.571-000 Viçosa-MG, Brasil. E-mail: ms32792@correio.cpd.ufv.br

² Universidade do Sul da Bahia-UESB, Bahia, BA, Brasil

³ Universidade Federal de Viçosa, UFV, Viçosa, MG, Brasil

⁴ EMBRAPA Pantanal, Caixa Postal 109, CEP 79.320-900, Corumbá-MS, Brasil

⁵ Núcleo de Pesq. Zool. Gerardo J.R. Alckmin/IZ/APTA/SAA-SP, Brasil

El objetivo de este trabajo fue proporcionar alternativas de manejo reproductivo visando la selección y multiplicación de pequeñas poblaciones de cerdos autóctonos. Fueron estudiados tres tipos de apareamientos visando el control de la endogamia en las generaciones futuras, en dos tamaños efectivos de población $N_e = 40$ y $66,67$, respectivamente, simulados para cerdos. La estimativa de consanguinidad fue obtenida para selección basada en el BLUP durante 20 generaciones, utilizándose el programa Génesis. Un genoma constituido de 18 pares de cromosomas de tamaños al azar permitió el estudio de una característica de heredabilidad igual a $0,10$, gobernada por 150 loci. Con este genoma, fue construida una población base y a partir de ésta una población inicial que originó las seis poblaciones de selección. En cada tamaño efectivo de población, los tipos de apareamientos practicados entre los reproductores seleccionados para padres de la generación siguiente fueron apareados al azar, exclusión de apareamiento entre hermanos completos y exclusión de apareamientos entre medios hermanos completos. El número de descendientes producidos por pareja y por generación fue de ocho, en todas las poblaciones. El proceso fue repetido por 30 veces para reducir la oscilación genética. Valores fenotípicos medios, varianza genética aditiva, consanguinidad media y límite de la selección fueron los parámetros genéticos evaluados.