



43ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia
24 a 27 de Julho de 2006
João Pessoa - PB

ADEQUABILIDADE DO MODELO INFINITESIMAL EM AVALIAÇÕES GENÉTICAS PARA CARACTERÍSTICAS GOVERNADAS POR DIFERENTES NÚMEROS DE LOCOS (1)

GISELLE MARIANO LESSA DE ASSIS (2), JOSÉ MARQUES CARNEIRO JÚNIOR (3), RICARDO FREDERICO EUCLYDES (4), ROBLEDO DE ALMEIDA TORRES (4), PAULO SÁVIO LOPES (4)

(1) Fonte Financiadora: CAPES

(2) Pesquisadora da Embrapa Acre, Rodovia BR 364, km 14, CP 321, CEP 69908-970, Rio Branco, AC, e-mail: giselle@cpafac.embrapa.br

(3) Pós-doutorando da Embrapa Acre, Rodovia BR 364, km 14, CP 321, CEP 69908-970, Rio Branco, AC

(4) Professor Adjunto do DZO da Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Zootecnia, CEP 36571-000, Viçosa, MG

RESUMO

O modelo infinitesimal vem sendo amplamente utilizado nas avaliações genéticas de animais domésticos. Porém, quando as pressuposições associadas a este modelo são violadas, podem ocorrer mudanças na frequência gênica média e conseqüentemente, alterações permanentes na variância genética. Neste contexto, este trabalho teve como objetivo verificar a influência de genes de efeito maior na adequabilidade do modelo infinitesimal como pressuposição nas análises genéticas, ao se considerar populações de diferentes tamanhos. Foram utilizados dados simulados em nível de gene, constituindo-se quatro tipos de populações. Foram avançadas 10 gerações discretas para dois processos seletivos distintos. Os valores reais dos componentes de variância foram submetidos à análise visual e foram estimadas as variâncias genéticas aditivas pelo método REML, considerando o acréscimo sucessivo de gerações. A estratégia empregada para verificar se o modelo infinitesimal é adequado foi eficiente para identificar a inadequabilidade do modelo devido ao pequeno número de locos, principalmente em populações grandes. Por outro lado, identificou como adequado o modelo infinitesimal em situações em que existem genes ligados na população-base, embora o erro produzido no processo de estimação tenha sido de baixa magnitude. Concluiu-se também que o modelo infinitesimal não é adequado para ser utilizado como pressuposição nas análises genéticas quando a característica é governada por genes de efeito maior.

PALAVRAS-CHAVE

melhoramento animal, modelos mistos, REML, seleção, variância genética, violação de pressuposições

INFINITESIMAL MODEL ADEQUACY IN GENETIC EVALUATIONS FOR TRAITS GOVERNED BY MAJOR GENES

ABSTRACT

The infinitesimal model has been largely employed in animal genetic evaluations. However, when the assumptions related to this model are violated, changes in average genetic frequency can occur and, consequently, permanent alterations in genetic variance. Thus, the objective of this work was to verify the influence of major genes on appropriately of infinitesimal model such assumption on genetic

evaluations, considering different population sizes. Simulated data in gene level were generated and four types of populations were constituted. Ten discrete generations were conducted for two distinct selective processes. Real values of variance components were visually analyzed and additive genetic variances were estimated by REML, considering the successive addition of generations. The strategy used to verify whether the infinitesimal model is appropriate was efficient to identify the inadequacy of this model when associated to few loci, mainly for large populations. On the other hand, it identified the infinitesimal model adequate in situations where there are linkage genes in base population, although the error generated during estimation was of low magnitude. It was also concluded that infinitesimal model is not appropriate to be used such an assumption in genetic evaluations when the trait is governed by major genes.

KEYWORDS

animal breeding, genetic variance, mixed models, REML, selection, violation of assumptions

INTRODUÇÃO

O modelo genético usualmente empregado na análise de dados no melhoramento animal pressupõe que um número muito grande de locos (estritamente infinito) governa a característica de interesse; cada loco contribui com efeito infinitesimalmente pequeno para a variância genética aditiva; os locos possuem somente ação aditiva, sendo desconsiderada a existência de dominância e epistasia; e a segregação ocorre independentemente. Este modelo é conhecido como modelo infinitesimal.

Uma importante consequência desse modelo é que, ocorrendo seleção direcional, as mudanças nas frequências gênicas são infinitesimalmente pequenas, sendo a alteração na variância genética aditiva causada somente pelo desequilíbrio gamético de ligação entre os locos que afetam a característica (Bulmer, 1971). Caso o modelo infinitesimal não se aplique, mudanças na frequência gênica média ocorrem e a variância genética sofre alterações permanentes.

Estudos de mapeamento e detecção de locos de características quantitativas vêm mostrando que existem genes com efeitos expressivos que governam características quantitativas, de forma que as metodologias usualmente utilizadas na avaliação genética que se baseiam no modelo infinitesimal podem não ser as mais adequadas.

O objetivo do presente trabalho foi verificar a influência de genes de efeito maior na adequabilidade do modelo infinitesimal como pressuposição nas análises genéticas, ao se considerar populações de diferentes tamanhos.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados na elaboração deste trabalho foram simulados em nível de gene, utilizando-se o pacote computacional Genesys (Euclydes, 1996).

Quatro diferentes tipos de populações foram simulados: 1) GRAN 900: população grande, sendo cada geração constituída por 2.400 indivíduos com registros e 1.000 pais, em que a característica sob seleção é governada por 900 pares de locos; 2) GRAN 10: população grande, sendo cada geração constituída por 2.400 indivíduos com registros e 1.000 pais, em que a característica sob seleção é governada por 10 pares de locos; 3) PEQ 900: população pequena, sendo cada geração constituída por 120 indivíduos com registros e 50 pais, em que a característica sob seleção é governada por 900 pares de locos; 4) PEQ 10: população pequena, sendo cada geração constituída por 120 indivíduos com registros e 50 pais, em que a característica sob seleção é governada por 10 pares de locos.

Foram avançadas 10 gerações discretas para dois processos seletivos distintos: Seleção ao Acaso (SAA) e Seleção Fenotípica (SF). Para as populações GRAN 900 e GRAN 10 foram feitas 300 repetições e para as populações PEQ 900 e PEQ 10 foram realizadas 500 repetições para cada um dos processos seletivos na obtenção das 10 gerações.

Os valores reais dos componentes de variância genética aditiva e ambiental ao longo das 10 gerações

de Seleção ao Acaso e de Seleção Fenotípica foram submetidos à análise visual, possibilitando verificar e comparar o comportamento de tais componentes nas diferentes situações estudadas. A adequabilidade do modelo infinitesimal como pressuposição nas análises genéticas foi verificada conforme o critério adotado por Meyer e Hill (1991), em que todas as estimativas da variância genética aditiva provenientes das análises, considerando o acréscimo sucessivo de gerações, devem ser idênticas, caso o modelo infinitesimal seja adequado. Assim, as variâncias obtidas a cada análise devem ser a da população-base. Foram utilizadas neste estudo as estimativas obtidas pelo método REML por meio do programa MTDFREML– “Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood” (Boldman et. al., 1995), conforme o seguinte modelo: $y_{ijk} = m + A_i + B_j + a_{ijk} + e_{ijk}$, em que y_{ijk} é a observação fenotípica do k “ésimo” indivíduo no i “ésimo” efeito “fixo” A e no j “ésimo” efeito “fixo” B; m é uma constante inerente a todas as observações; A_i é o efeito do i “ésimo” efeito “fixo” A; B_j é o efeito do j “ésimo” efeito “fixo” B; a_{ijk} é o efeito aleatório genético aditivo do k “ésimo” indivíduo no i “ésimo” efeito “fixo” A e no j “ésimo” efeito “fixo” B; e_{ijk} é o efeito aleatório ambiental.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os valores reais dos componentes de variância genética aditiva ao longo das 10 gerações encontram-se na Figura 1. Nota-se que, para as situações em que ocorreu Seleção ao Acaso, não há tendência de queda, ao comparar G^0 com G^{10} . Nas situações em que ocorreu Seleção Fenotípica, a variância genética aditiva decresceu em todas as populações. Porém, percebe-se claramente a queda mais acentuada para as populações GRAN 10 e PEQ 10.

As estimativas das variâncias genéticas aditivas obtidas pelo REML com níveis crescentes de inclusão de gerações, para as populações com características governadas por 900 e 10 genes encontram-se na Figura 2. Nota-se que na população GRAN 900, a inclusão das informações de cada nova geração praticamente não modificou o valor das estimativas, ou seja, elas permaneceram constantes para todas as análises. Esse resultado indica que o modelo infinitesimal é adequado para o conjunto de dados em questão. Porém, sabe-se que a estimativa REML do componente de variância, considerando toda a informação da G^{10} até a G^0 , foi levemente superestimada (Assis, 2005), o que pressupõe-se ter ocorrido devido ao fato de existirem genes ligados na população-base. Portanto, essa estratégia para verificar a adequabilidade do modelo infinitesimal deve ser feita com cautela.

Para a população PEQ 900, as estimativas da variância genética aditiva permaneceram constantes até a inclusão da quarta geração. Ao incluir a quinta, porém, houve um leve salto de sua estimativa, que voltou a se estabilizar até a inclusão da décima geração. Esse leve acréscimo pode estar relacionado com a menor quantidade de dados disponível inicialmente, de forma que, ao aumentar o volume de dados, também se obtiveram estimativas mais acuradas. Portanto, sugere-se que o modelo infinitesimal é apropriado para os dados em questão, incluindo-se aqui a mesma ressalva acima feita para GRAN 900.

Verifica-se que houve decréscimo marcante das estimativas das variâncias genéticas aditivas para ambas as populações com característica governada por 10 genes. Para a população GRAN 10, essa queda nos valores das estimativas foi ininterrupta, contrastando com a invariância encontrada para GRAN 900. De acordo com a estratégia adotada, conclui-se que o modelo infinitesimal não é adequado para este conjunto de dados. Este resultado confirma o esperado, uma vez que se observou decréscimo acentuado dos valores reais da variância genética aditiva para população GRAN 10 quando comparado com o da população GRAN 900 (Figura 1).

Para a população PEQ 10, verifica-se que a queda foi intensa até a inclusão da Geração 4, e posteriormente, as estimativas se estabilizaram, havendo leve tendência de acréscimo. Para este conjunto de dados e de acordo com a estratégia de análise adotada, conclui-se que o modelo infinitesimal também é inadequado.

As populações pequenas não se comportaram exatamente como o esperado, conforme ocorreu para as

populações grandes, principalmente a PEQ 10. Nota-se que tanto para PEQ 900 quanto para PEQ 10, os valores reais das variâncias genéticas aditivas, apesar de apresentarem tendência de queda, oscilaram bastante entre determinadas gerações.

A estratégia empregada para verificar se o modelo infinitesimal é adequado foi bastante eficiente para identificar a inadequabilidade do modelo devido ao pequeno número de locos, principalmente em populações grandes. Por outro lado, identificou como adequado o modelo infinitesimal em situações em que existem genes ligados na população-base, embora o erro produzido no processo de estimação tenha sido de baixa magnitude. Assim, a estratégia adotada por Meyer e Hill (1991) parece ser eficiente quando se verifica a inadequabilidade do modelo pelo decréscimo das estimativas conforme o acréscimo sucessivo de gerações; porém, quando estas se mostram constantes, deve-se ter cautela ao concluir que o modelo infinitesimal é adequado, pois mesmo assim podem ser obtidas estimativas levemente viesadas.

CONCLUSÕES

O modelo infinitesimal não é adequado para ser utilizado como pressuposição nas análises genéticas quando a característica é governada por genes de efeito maior.

A estratégia para verificar a adequabilidade do modelo infinitesimal é eficiente para identificar sua inadequabilidade devido a genes de efeito maior. Porém, identifica o modelo como adequado quando há genes ligados na população-base.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ASSIS, G.M.L. Efeito do número de genes na avaliação genética utilizando dados simulados. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2005, 102p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2005.

BOLDMAN, K.G., KRIESE, L.A., VAN VLECK, L.D. et al. A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances. United States Department of Agriculture, Agriculture Research Service, 1995.

BULMER, M.G. The effect of selection on genetic variability. *The American Naturalist*, v.105, n.943, p.201-211, 1971.

EUCLYDES, R. F. Uso do sistema para simulação Genesys na avaliação de métodos de seleção clássicos e associados a marcadores moleculares. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1996, 150p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1996.

MEYER, K.; HILL, W.G. Mixed model analysis of a selection experiment for food intake in mice. *Genet. Res. Camb.*, v.57, p.71-81, 1991.