



Efeito do Acasalamento Preferencial na Predição de Valores Genéticos de Touros

Williane Maria de Oliveira Martins¹, José Marques Carneiro Júnior², Giselle Mariano Lessa de Assis³,
José Marlo Araújo de Azevedo⁴

¹Graduanda de Agronomia da Universidade Federal do Acre. Estagiária Embrapa - Acre: e-mail: williane_martins@yahoo.com.br

²Pesquisador da Embrapa - Acre. Zootecnista, D.Sc em Genética e Melhoramento: e-mail: marques@cpafac.embrapa.br

³Pesquisadora da Embrapa - Acre. Zootecnista, D.Sc em Genética e Melhoramento: e-mail: giselle@cpafac.embrapa.br

⁴Aluno de Mestrado da Universidade Federal do Acre: m.marlo@yahoo.com.

Resumo: Dados simulados foram utilizados para verificar a influência do acasalamento preferencial na avaliação genética de touros. Foram simuladas nove estruturas de população com 10 repetições cada, sendo quatro níveis de Correlação de Pearson entre os touros de menores valores genéticos e as melhores vacas (-1,00; -0,75; -0,50; -0,25), quatro níveis de correlação entre os touros de maiores valores genéticos e as melhores vacas (0,25; 0,50; 0,75; 1,00) e ausência de correlação (0). Foi utilizado o programa MTDFREML para a predição dos valores genéticos. As variáveis utilizadas foram o Quadrado Médio do Erro na predição dos valores genéticos, o Quadrado Médio do Erro na estimação dos efeitos de grupos de contemporâneos e a Correlação de Spearman. Para as correlações -1,00; -0,75; -0,50; e -0,25 os valores para Correlação de Spearman decresceram à medida que esses níveis aumentavam, diminuindo a acurácia na predição dos valores genéticos dos touros. Entretanto, nos níveis 0; 0,25; 0,50; 0,75 e 1,00 as Correlações de Spearman foram altas, demonstrando que a metodologia foi eficiente em ordenar os animais pelo seu valor genético. O acasalamento preferencial entre os touros com maiores valores genéticos e as melhores vacas não prejudica a avaliação genética dos animais. Entretanto, o processo seletivo pode ser prejudicado quando touros de menores valores genéticos são acasalados com as melhores vacas.

Palavras-chave: avaliação genética, correlação genética, simulação de dados, valores genéticos

Preferential Mating Effect in the Prediction of Bulls Breeding Values

Abstract: Simulated data were used to determine the effect of the influence of preferential mating in the genetic prediction of bulls. Nine were simulated structures of population with 10 repetitions each, with four levels of Pearson Correlation between the bulls of lower values genetic and the best cows (-1,00; -0,75; -0,50; -0,25), four levels of correlation between bulls genetic highest and best cows (0,25; 0,50; 0,75; 1,00) and absence of correlation. The MTDFREML program was used to predict the breeding values. The variables used were the Square Middle of Error in predicting the genetic values, Middle of the Square Error estimation of the effects of groups of contemporary and the Correlation of Spearman. For the correlations -1,00; -0,75; -0,50 and -0,25 for the values of Spearman Correlation decreasing to the extent that these levels increased, reducing the accuracy in predicting the genetic values of bulls. Meanwhile, in the levels 0; 0,25; 0,50; 0,75 and 1,00 of the Correlations were high Spearman, demonstrating that the methodology was efficient in order the animals by their genetic values. The preferential mating between the bulls with higher values genetic and best cows not prejudice the genetic evaluation of animals. However, the selection process may be undermined when bulls from breeding values are lower crossing the best cows.

Keywords: breeding values, genetic correlation, genetic evaluation, simulation data

Introdução

A avaliação genética é uma das ações envolvidas no melhoramento animal que consiste na predição do valor genético dos indivíduos que participarão no processo de acasalamento. Entretanto, esse valor não é diretamente observável, devendo ser obtido a partir de um conjunto de dados normalmente desbalanceado e sem delineamento experimental.

Assim a predição do valor genético de um animal deve ser realizada por meio de metodologias estatísticas apropriadas, sendo que, atualmente, a mais utilizada é a Metodologia de Modelos Mistos (Henderson, 1963), que fornece o Melhor Preditor Linear Não-viesado (BLUP). Esta metodologia consiste, basicamente, na predição dos valores genéticos, considerando efeitos fixos (rebanho, manejo, grupo contemporâneo) e efeitos aleatórios de maneira simultânea, ajustando-se os dados aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas subclasses. Entretanto, a acurácia dos valores genéticos pode

ser reduzida pela presença de correlação entre os valores genéticos de touros e vacas. Na prática, o sêmen dos melhores touros são utilizados nas melhores vacas o que pode resultar em correlação genética. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar a influência do acasalamento preferencial sobre a avaliação genética de touros utilizando dados simulados.

Material e Métodos

Os dados utilizados neste trabalho foram simulados por meio do programa computacional SAS (2000). Foram simuladas nove populações com 10 repetições cada e três efeitos fixos rebanho, manejo e estação para formar os grupos de contemporâneos. O valor genético dos filhos foi obtido como a média dos valores genéticos dos pais mais o efeito de amostragem mendeliana. O efeito de acasalamento preferencial foi obtido a partir da correlação entre os valores genéticos dos touros e os valores genéticos das vacas. Foram gerados nove níveis de correlação com as seguintes estruturas: Quatro níveis de correlação entre os touros de menores e as vacas de melhores valores genéticos -1,00; -0,75; -0,50 e -0,25; Quatro níveis de correlação entre os touros e vacas de maiores valores genéticos 0,25; 0,50; 0,75 e 1,00; Ausência de correlação, utilizada como população controle. Cada nível de correlação foi repetido dez vezes, conforme Tabela 1.

Para verificação do efeito dos diferentes níveis de correlação foi calculada a Correlação de Spearman (CS) entre os valores genéticos verdadeiros e os preditos, o Quadrado Médio do Erro na predição dos valores genéticos (QME_VG), como a média dos quadrados das diferenças entre os valores genéticos verdadeiros e dos valores genéticos preditos e o Quadrado Médio do Erro na estimação dos Grupos Contemporâneos (QME_GC), como a média dos quadrados das diferenças entre os valores genéticos dos grupos de contemporâneos verdadeiros e dos estimados, conforme Harvey (1979), citado por Schenkel (1998).

$$QME = \sum_{i=1}^n \frac{1}{n} (\hat{a}_i - a_i)^2$$

em que QME é o quadrado médio do erro, n é o número de indivíduos, \hat{a}_i refere-se ao valor genético predito e a_i ao valor genético real. Quanto mais próximo de zero maior é a acurácia da predição dos valores genéticos.

Tabela 1 Código utilizado para as populações simuladas com os níveis de Correlação de Pearson entre valores genéticos dos touros e das vacas, número de repetições e tamanhos de população.

Código da população	Correlação de Pearson	Nº de repetições	Tamanho da população
AP_-1,00	-1,00	10	10.000
AP_-0,75	-0,75	10	10.000
AP_-0,50	-0,50	10	10.000
AP_-0,25	-0,25	10	10.000
AP_0,00	0,00	10	10.000
AP_0,25	0,25	10	10.000
AP_0,50	0,50	10	10.000
AP_0,75	0,75	10	10.000
AP_1,00	1,00	10	10.000

AP= acasalamento preferencial

A estimação dos efeitos fixos, dos componentes de variâncias e a predição dos valores genéticos foram realizadas por meio do programa MTDFREML descrito por Boldman et al. (1995).

Resultados e Discussão

Na Tabela 2 encontram-se a média dos Quadrados Médios dos Erros para os valores genéticos preditos, a média dos Quadrados Médios dos Erros para os efeitos de grupos de contemporâneos e a Correlação de Spearman entre os valores genéticos verdadeiros e preditos. Verificou-se que a Correlação de Spearman foi de 0,86 para a Correlação de Pearson igual a um e 0,78 para correlação igual a zero. Os Quadrados Médios dos Erros para os valores genéticos e para grupos de contemporâneos foram respectivamente de 255,24 e 42,11 para correlação igual a um e 275,59 e 52,01 para correlação igual a zero. Desta forma, a presença de correlação positiva entre valores genéticos dos touros e vacas resultou em melhor classificação e acurácia na predição destes valores.

Situação inversa ocorreu na presença de correlações de Pearson negativas (acasalamento dos touros de menores valores genéticos e as melhores vacas). De forma geral, as Correlações de Spearman foram baixas e os quadrados médios dos erros altos, indicando baixa acurácia na predição dos valores genéticos. Desta forma, o acasalamento preferencial entre touros de menor mérito genético com vacas de

alto valor genético causa distorções na avaliação genética, com consequência negativa para o processo de seleção.

Tabela 2 Médias dos Quadrados Médios dos Erros para os valores genéticos preditos (QME_VG), Médias dos Quadrados Médios dos Erros para efeitos dos grupos de contemporâneos (QME_GC) e Correlação de Spearman (CS) entre valores genéticos verdadeiros e preditos e Desvio Padrão (DP) para os diferentes níveis de Correlação de Pearson (CP).

CP	QME_VG ± DP	QME_GC ± DP	CS ± DP
-1,00	362,61 ± 36,98	91,02 ± 74,00	0,11 ± 0,05
-0,75	334,09 ± 22,16	42,46 ± 48,18	0,14 ± 0,04
-0,50	336,01 ± 24,69	42,09 ± 40,70	0,34 ± 0,03
-0,25	315,55 ± 16,59	96,27 ± 137,43	0,58 ± 0,03
0,00	275,59 ± 24,95	52,01 ± 56,59	0,78 ± 0,03
0,25	251,10 ± 19,45	43,59 ± 47,65	0,92 ± 0,01
0,50	238,91 ± 16,82	69,30 ± 61,68	0,89 ± 0,01
0,75	249,52 ± 21,67	78,08 ± 58,23	0,87 ± 0,01
1,00	255,24 ± 22,49	42,11 ± 41,94	0,86 ± 0,01

Conclusões

O acasalamento preferencial entre animais com valores genéticos superiores não prejudica a avaliação genética de touros, enquanto o acasalamento entre touros com menores valores genéticos e melhores vacas pode conduzir a erros no processo de seleção desses animais.

Literatura citada

- 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** [DRAFT]. Lincoln: USDA/ARS, 1995.
- HENDERSON, C.R. **Selection index and expected genetic advance. In: STATISTICAL genetics and plant breeding**, Washington, DC: NAS/NRC, 1963.
- MARTINS, N. E., LOPES, P. S; SILVA, M.A. et al. **Uso de Modelos Mistos na Avaliação Animal**. 1. ed. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1997. p. 8-13.
- SAS Institute Inc. SAS/STAT. User guide. Cary: SAS Institute Inc., 2000. USA.
- SCHENKEL, F.S. **Studies on effects of parental selection of estimation of genetic parameters an breeding values of metric traits. Ghelph**: University of Ghelph, 1998. 191p. (Ph.d. Thesis) - University of Ghelph, 1998. Van KAAM, J.B.C.H.M. "GIBANAL" – Analyzing program.