



## VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal São Carlos, SP, 10 e 11 de julho de 2008

### Influência de tratamento diferenciado e acasalamento preferencial na avaliação genética animal

Williane Maria de Oliveira Martins<sup>1</sup>, José Marques Carneiro Júnior<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Graduanda de Agronomia da Universidade Federal do Acre. Bolsista/Embrapa-Acre, e-mail: williane\_martins@yahoo.com.br

<sup>2</sup>Pesquisador da Embrapa Acre, e-mail: marques@cpafac.embrapa.br

**Resumo** – Dados simulados foram utilizados para verificar a influência de tratamento diferenciado e acasalamento preferencial na avaliação genética animal. Os valores genéticos foram obtidos pelo método de Máxima Verossimilhança Restrita utilizando o programa MTDFREML. Foram obtidos os Quadrados Médios dos Erros para os valores genéticos e efeitos de grupos de contemporâneos, além da Correlação de Spearman entre os valores genéticos verdadeiros e preditos nos níveis de correlação de Pearson de 0; 0,25; 0,50; 0,75 e 1,00 para tratamento preferencial e entre acasalamento de touros e vacas de maior potencial genético. Conclui-se que o tratamento diferenciado conduz a vícios na estimação de valores genéticos, podendo influenciar a ordem de classificação dos animais. Entretanto, acasalamentos preferências entre animais de maiores valores genéticos não prejudica o processo de seleção e avaliação animal.

**Palavras-chave:** acasalamento preferencial, avaliação genética, simulação, tratamento diferenciado

#### Effect of differential treatment and preferential mating in animal genetic evaluation

**Abstract** – Simulated data were used to check the preferential mating influence and differential treatment in animal genetic evaluation. The breeding values were predicted by Restricted Maximum Likelihood methodology, using the program MTDFREML. Were obtained the Mean Squares Errors for the breeding values and contemporary groups effects, beyond the Spearman Correlations between the genetic values real and predicted in the Pearson Correlation levels of 0; 0,25; 0,50; 0,75 and 1,00 for preferential treatment and mating between the bulls and cows of the same genetic potential. It concluded that differential treatment leads to errors in the genetic values estimation, may influence the animals order classification. Meanwhile, mating preferences between animals higher genetic values not affect the selection process and animal evaluation.

**Keywords:** differential treatment, genetic evaluation, mating preference, simulation

### Introdução

A avaliação genética visa a identificação de animais geneticamente superiores, capazes de transmitir aos seus descendentes seus alelos favoráveis, alterando dessa forma a média da população. Entretanto, algumas práticas de manejo podem interferir no processo de avaliação genética, conduzindo a erros no processo de seleção e reduzindo do progresso genético de um rebanho.

O mérito genético dos animais deve ser obtido com maior acurácia possível, aproximando-se dos verdadeiros valores genéticos dos indivíduos. Desta forma, metodologias estatísticas apropriadas foram desenvolvidas, culminando com a utilização intensiva da Metodologia de Modelos Mistos (Henderson, 1973), que fornece o BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor*), que têm demonstrado ser uma poderosa ferramenta na avaliação genética. Essa metodologia consiste, basicamente, na predição dos valores genéticos, considerando efeitos fixos e aleatórios de maneira simultânea. Entretanto, algumas pressuposições devem ser consideradas para uso adequado desta metodologia, dentre elas, a ausência de correlação entre os valores genéticos e efeitos fixos (Harvey, 1979; Fries & Schenkel, 1993). Fatores como o tratamento diferenciado dado a alguns animais com base em resultados anteriores pode reduzir a acurácia na avaliação (Oliveira, 1995). Uma outra prática comum é a utilização de sêmens dos melhores touros nas melhores vacas, o que pode resultar em correlação genética entre valores genéticos.

Dentro deste contexto, o presente trabalho teve como objetivos avaliar a influência do tratamento diferencial e da presença de acasalamento preferencial entre touros e vacas de maiores valores genéticos na acurácia da predição.

### Material e Métodos

Os dados utilizados neste trabalho foram simulados por meio do software SAS (2000). Foram simuladas dez estruturas de população com 10 repetições cada com herdabilidade ( $h^2=0,40$ ). Foram considerados três efeitos fixos: rebanho, manejo e estação para formar os grupos de contemporâneos. Para verificar o efeito de tratamento diferencial foram gerados cinco níveis crescentes de Correlação de Pearson entre valores os genéticos verdadeiros e os valores de grupos de contemporâneos (TD\_0,00; TD\_0,25; TD\_0,50; TD\_0,75 e TD\_1,00). Para verificar o efeito do acasalamento preferencial, foram simulados cinco níveis de Correlação de Pearson entre os melhores valores genéticos de touros e vacas (AP\_0,00; AP\_0,25; AP\_0,50; AP\_0,75 e AP\_1,00).

A estimação dos efeitos fixos, componentes de variâncias e predição dos valores genéticos foram realizadas por meio do programa MTDFREML (*Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood*) descrito por Boldman et al. (1995). O modelo estatístico utilizado foi o seguinte:

$$Y = X\beta + Z + e$$

em que:

$Y$  = vetor de observações de características medidas nos indivíduos;

$X, Z$  = matrizes de incidência de efeitos fixos e aleatórios;

$b$  = vetor de efeitos fixos incluindo rebanho, manejo e estação;

$u$  = vetor dos efeitos aleatórios de valores genéticos aditivos diretos dos animais;

$e$  = vetor dos erros aleatórios associados a cada observação.

Para verificar a influência dos dois efeitos preferenciais foi calculada a Correlação de Spearman (CS) e os Quadrados Médios dos Erros na predição dos valores genéticos (QME\_VG) e na estimação dos grupos de contemporâneos (QME\_GC), 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 verdadeiro.

### Resultados e Discussão

Na Tabela 1 encontram-se os Quadrados Médios dos Erros para os grupos de contemporâneos (QME\_GC) e para os valores genéticos (QME\_VG), bem como as Correlações de Spearman (CS) para o efeito de tratamento diferencial. Observa-se que o Quadrado Médio do Erro para grupos de contemporâneos (QME\_GC) e para os valores genéticos (QME\_VG) foram maiores para os níveis mais altos de Correlação de Pearson, indicando que quanto maior for o tratamento maior dificuldade terá a metodologia em isolar o verdadeiro valor genético das demais fontes de variação. Na ausência de Correlação de Pearson a metodologia de modelos mistos foi eficiente em classificar os indivíduos pelo seu valor genético, apresentando Correlação de Spearman de 0,84 entre os valores genéticos verdadeiros e os preditos. Entretanto, no nível máximo de tratamento diferencial (TD\_1,00) a correlação foi próximo de zero demonstrando erros na classificação dos indivíduos pelo seu valor genético.

Tabela 1- Média e desvio padrão dos quadrados médios dos erros para os valores genéticos preditos (QME\_VG), média e desvio padrão dos quadrados médios dos erros para efeitos dos grupos de contemporâneos (QME\_GC) e média e desvio padrão da correlação de Spearman (CS), para as diferentes estruturas de população (EP) avaliadas.

EP	QME_VG	QME_GC	CS
TD_0,00	115,77 ± 7,34	111,53 ± 82,26	0,84 ± 0,025
TD_0,25	231,93 ± 24,91	102,40 ± 43,78	0,67 ± 0,054
TD_0,50	343,04 ± 33,32	192,08 ± 85,97	0,39 ± 0,061
TD_0,75	400,41 ± 41,18	235,39 ± 102,15	0,15 ± 0,044
TD_1,00	379,33 ± 88,81	202,25 ± 61,44	-0,01 ± 0,06

TD=Tratamento diferencial

Observa-se na Tabela 2, que houve tendência para os valores dos Quadrados Médios dos Erros (QME\_VG) para os valores genéticos e efeitos de grupos de contemporâneos (QME\_GC). As Correlações de Spearman foram de alta magnitude, sendo 0,86 para ausência de acasalamento preferencial e 0,78 para o nível mais alto de Correlação de Pearson (AP\_1,00). Demonstrando que a presença de correlação genética positiva entre touros e vacas de maiores valores genéticos resulta em melhor classificação dos indivíduos. A presença de correlação positiva possivelmente potencializa os valores genéticos dos melhores animais, facilitando a classificação dos mesmos.

Tabela 2 - Média e desvio padrão dos quadrados médios dos erros para os valores genéticos preditos (QME\_VG), média e desvio padrão dos quadrados médios dos erros para efeitos dos grupos de contemporâneos (QME\_GC) e média e desvio padrão da correlação de Spearman (CS), para as diferentes estruturas de população (EP) avaliadas.

EP	QME_VG ± DP	QME_GC ± DP	CS ± DP
AP_0,00	275,59 ± 24,95	52,01 ± 56,59	0,78 ± 0,03
AP_0,25	251,10 ± 19,45	43,59 ± 47,65	0,92 ± 0,01
AP_0,50	238,91 ± 16,82	69,30 ± 61,68	0,89 ± 0,01
AP_0,75	249,52 ± 21,67	78,08 ± 58,23	0,87 ± 0,01
AP_1,00	255,24 ± 22,49	42,11 ± 41,94	0,86 ± 0,01

AP= Acasalamento preferencial

### Conclusões

A presença de tratamento diferencial reduz a acurácia no processo de seleção, principalmente em níveis altos de correlação entre valores genéticos e efeitos de grupos contemporâneos. Entretanto, o acasalamento preferencial entre touros e vacas de alto potencial genético não prejudica a avaliação animal.

### 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.** 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.
- OLIVEIRA, H.N. **Grupos de contemporâneos e conectabilidade.** In: CURSO SOBRE AVALIAÇÃO GENÉTICA EM BOVINOS DE CORTE, 1995, Ribeirão Preto. **Anais...**, Ribeirão Preto: USP, 1995. p.1-19.
- 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.