

# EFEITO DO TAMANHO DE GRUPOS CONTEMPORÂNEOS NA PREDIÇÃO DOS VALORES GENÉTICOS

Williane Maria de Oliveira Martins  
Graduanda de Agronomia da Universidade Federal do Acre , Bolsista Embrapa Acre  
Rio Branco – Acre – Brasil

José Marques Carneiro Júnior  
Orientador do Projeto – Pesquisador da Embrapa Acre – Genética e Melhoramento Animal

**INTRODUÇÃO:** Um dos principais objetivos da avaliação animal consiste na predição dos valores genéticos individuais para uma determinada característica. Entretanto, nem sempre, os melhores fenótipos representam as melhores opções genéticas de um rebanho. No intuito de contornar essa dificuldade, metodologias estatísticas foram desenvolvidas, culminando coma utilização das Equações de Modelos Mistos de Henderson, para obtenção do BL UP (Melhor Preditor Linear Não Viesado). Para obtenção de valores genéticos com maior acurácia, tão importante quanto a utilização desta metodologia, é a perfeita identificação e estruturação dos grupos de contemporâneos. Uma das principais dificuldades encontradas na formação de grupos de contemporâneos é a definição do tamanho ideal, de modo que possam conter o maior número de indivíduos e abranger as condições de ambiente menos heterogêneas possíveis. Dentro deste contexto, o objetivo do presente trabalho foi avaliar a influência do tamanho de grupos de contemporâneos na predição dos valores genéticos individuais.

**MATERIAL E MÉTODOS:** Os dados utilizados neste trabalho foram simulados utilizando o software SAS (2000). Foram geradas seis estruturas de população com cinco repetições cada, com herdabilidade média de 0,40 e três efeitos fixos que foram utilizados para formar os grupos de contemporâneos. Os arquivos foram gerados de forma que apresentavam a mesma estrutura genética, porém alterando-se o número de grupos de contemporâneos e o número de animais por grupo. Foi simulada a seguinte estrutura de população: 2500 grupos contemporâneos com 4 animais; 1000 grupos contemporâneos com 10 animais; 400 grupos contemporâneos com 25 animais; 200 grupos contemporâneos com 50 animais. A estimação dos componentes de variâncias e a predição dos valores genéticos foram realizadas por meio do programa MTDFREML (*Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood*). Para verificar o efeito dos diferentes tamanhos de grupos de contemporâneos na avaliação genética, foi calculado o Quadrado Médio do Erro na predição dos valores genéticos e a Correlação de Spearman entre os valores genéticos verdadeiros e os preditos.

**RESULTADOS:** Constatou-se com os dados obtidos que: o Quadrado Médio do Erro para os valores genético diminuíram com o aumento do número de indivíduos por grupo, sendo respectivamente de 143,70 para a estrutura de população com quatro indivíduos e 123,40 para estrutura com dez animais. Entretanto, a partir de dez animais por grupo o decréscimo no Quadrado Médio do Erro foi menos acentuado quando comparado com intervalo de quatro para dez animais por GC, indicando um tamanho adequado. Em análise preliminar dos dados foi verificada que a Correlação de Spearman, entre os valores fenotípicos e valores genéticos verdadeiros, próximas a 0,65. Este valor é bem inferior ao observado para grupos de contemporâneos com quatro indivíduos (0,91). Assim, mesmo com grupo de contemporâneo de pequeno tamanho a metodologia de modelos mistos foi eficiente em ordenar os indivíduos .

**CONCLUSÃO:** Quanto maior o tamanho dos grupos de contemporâneos maior a acurácia na predição dos valores genéticos. No entanto, este aumento de acurácia não proporciona mudanças consideráveis na classificação dos indivíduos. Grupos de contemporâneos com pelo menos dez indivíduos são necessários para uma adequada avaliação genética.

**PALAVRAS CHAVE:** Acurácia, grupo contemporâneo, valores genéticos

**FINANCIAMENTO:** CNPq / EMBRAPA ACRE



