

EFEITO DA CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE TOUROS E VACAS NA AVALIAÇÃO GENÉTICA ANIMAL

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 (a) do Projeto – Pesquisador da Embrapa Acre – Genética e Melhoramento Animal

INTRODUÇÃO: A avaliação genética consiste na identificação dos indivíduos geneticamente superiores, que quando acasalados promovem mudanças na constituição genética de uma população. Estratégias de acasalamento são utilizadas com o intuito de melhorar geneticamente o rebanho. Na prática, o sêmen dos melhores touros são usados nas melhores vacas e isso pode gerar correlação entre os valores genéticos de touros e vacas, reduzindo a acurácia da avaliação animal. O presente estudo teve com o objetivo avaliar o efeito da correlação de acasalamentos não aleatórios na predição de valores genéticos de touros.

MATERIAL E MÉTODOS: Os dados utilizados neste trabalho foram simulados utilizando o programa computacional SAS (2000). Foram simuladas 7 populações com 10 repetições cada e três efeitos fixos para formar os grupos de contemporâneos rebanho, manejo e estação. Para simular o efeito de acasalamento preferencial

foram gerados níveis crescentes de Correlação de Pearson entre o valor genético dos touros e das vacas. Foram estudados níveis de 1.00 -0.50 e -0.25 para correlação entre os touros de menor valor genético e vacas de maior potencial e 0.25, 0.50 e 1.00 para correlação entre os melhores touros e as melhores vacas. A metodologia estatística utilizada foi a Equação de Modelos Mistos, que fornece o BLUP (Melhor Preditor Linear Não Viesado). A estimação dos efeitos fixos, dos componentes de variâncias e a predição dos valores genéticos foram realizadas pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) por meio do programa MTDFREML. Para verificar o efeito de acasalamento preferencial foi utilizada a Correlação de Spearman entre os valores genéticos preditos e verdadeiros.

RESULTADOS: Constatou-se, com base nos dados obtidos, que a Correlação de Spearman para as Correlações de Pearson -0.25, -0.50, -1.00 foram de média 0.58 a baixa magnitude 0.34 e 0.11 respectivamente. À medida que esses níveis aumentavam a acurácia na predição dos valores genéticos diminuía, evidenciando mudanças na ordem relativa dos touros avaliados geneticamente. Verificou-se também, que tanto na ausência de correlação (0) quanto nas correlações positivas 0.25, 0.50 e 1.00 os coeficientes de Spearman mantiveram-se elevados, 0.78, 0.92, 0.89 e 0.86 respectivamente, indicando que a metodologia foi eficiente em ordenar os indivíduos pelos seus valores genéticos preditos.

CONCLUSÃO: Correlações de Pearson positivas não prejudicam a predição de valores genéticos. Entretanto, níveis de Correlação de Pearson negativas podem influenciar na predição desses valores, comprometendo a avaliação genética animal.

PALAVRAS CHAVE: avaliação animal, correlações genéticas, simulação de dados

FINANCIAMENTO: CNPq / EMBRAPA ACRE