



Efeito da não aleatoriedade dos valores genéticos de touros em grupos de contemporâneos na avaliação genética animal

José Marques Carneiro Júnior¹, Giselle Mariano Lessa de Assis², Francisco Aloísio Cavalcante³, Williane Maria de Oliveira Martins⁴

¹Pesquisador da Embrapa Acre. e-mail: marques@cpafac.embrapa.br

²Pesquisadora da Embrapa Acre. e-mail: giselle@cpafac.embrapa.br

³Pesquisador da Embrapa Acre. e-mail: aloisio@cpafac.embrapa.br

⁴Graduanda de Engenharia Agrônoma da Universidade Federal do Acre. e-mail: williane_martins@yahoo.com.br

Resumo: Dados simulados foram utilizados para avaliar a influência do tratamento preferencial na avaliação genética animal. Foram simuladas cinco estruturas de população com níveis crescentes de correlação entre valor genético verdadeiro e efeito de grupo contemporâneo. Cada nível de correlação foi repetido dez vezes. Foi empregado o programa MTDFREML para estimação dos efeitos de grupos de contemporâneos e predição dos valores genéticos. As variáveis utilizadas para verificação do efeito de tratamento preferencial sobre a avaliação genética foi 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 entre os valores genéticos verdadeiros e os preditos. Foram obtidas também as regressões entre as variáveis mencionadas e os níveis de correlação em estudo. Foi observado que houve aumento do Quadrado Médio do Erro tanto na predição do valor genético quanto na estimação dos efeitos de grupos de contemporâneos e que houve diminuição da Correlação de Spearman. Verificou-se que as regressões entre as variáveis avaliadas e os níveis de correlação foram estatisticamente significativas, demonstrando que quanto maior o tratamento preferencial, menor a acurácia na predição dos valores genéticos. Concluiu-se que a presença de tratamento preferencial em conjuntos de dados utilizados no melhoramento animal conduz a erros de classificação dos indivíduos e redução do progresso genético.

Palavras-chave: grupos de contemporâneos, simulação, tratamento preferencial, valores genéticos

Effect of non randomness of bull breeding values on contemporary groups in animal genetic evaluation

Abstract: Simulated data were used to evaluate the influence of preferential treatment in animal genetic evaluation. Five population structures were simulated with increasing correlation levels between true genetic breeding and contemporary group effect. Each correlation level was repeated ten times. The MTDFREML program was employed to estimate contemporary group's effects and prediction of breeding values. The variables used for verification of preferential treatment effect on genetic evaluation was the Mean Square Error on predicting the genetic breeding, the Mean Square Error on estimation of contemporary group effects and Spearman Correlation between true and predicted breeding values. It was also obtained the regressions between variables mention and the correlation levels in study. It was observed that there was an increase in the Mean Square Error on predicting of breeding values and on estimation of contemporary group effects and there was a decrease on Spearman Correlation. It was also verified that the established regressions between the variables and correlation levels were statistically significant, showing that higher the preferential treatment lesser the accuracy in predicted breeding values. It was concluded that presence of preferential treatment in data sets used in animal breeding leads to errors in classification of individuals and reduction of genetic progress.

Keywords: breeding values, contemporary groups, preferential treatment, simulation

Introdução

Um dos principais objetivos da avaliação genética animal consiste na predição acurada dos valores genéticos individuais para uma determinada característica. Entretanto, nem sempre, os melhores fenótipos representam as melhores opções genéticas de um rebanho, devido aos inúmeros fatores não genéticos nas comparações entre os indivíduos.

No intuito de contornar esta dificuldade, metodologias estatísticas com propriedades desejáveis foram desenvolvidas, culminando com a utilização intensiva das Equações de Modelos Mistos de Henderson (Henderson, 1963) para obtenção do BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor*). Esta

metodologia consiste, basicamente, na predição dos valores genéticos, tomados como aleatórios, ajustando-se os dados, concomitantemente, aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas subclasses. Entretanto, algumas pressuposições devem ser consideradas para uso adequado desta metodologia, dentre elas, a ausência de correlação entre os valores genéticos e os efeitos fixos (Harvey, 1979; Fries & Schenkel, 1993). Na prática, geralmente, este fato não ocorre; as melhores fazendas, além de adquirirem os melhores sêmens, fornecem aos seus animais manejo sanitário e nutricional mais eficiente. Esta situação pode gerar correlação genética entre os valores genéticos e os grupos de contemporâneos, caracterizando a presença de tratamento preferencial. O viés produzido pela falta de aleatoriedade dos valores genéticos nos grupos de contemporâneos pode induzir a erros na predição dos valores genéticos e na estimação dos efeitos ambientais.

Dentro deste contexto, o objetivo do presente trabalho foi avaliar a influência do tratamento preferencial na estimação dos efeitos fixos e na acurácia da predição dos valores genéticos.

Material e Métodos

Os dados utilizados neste trabalho foram simulados utilizando o software SAS (2000). Foram simuladas cinco estruturas de população com 10 repetições cada, com herdabilidade média de 0,40 e três efeitos fixos que foram utilizados para formar os grupos de contemporâneos. Para simular o efeito de tratamento preferencial foram gerados níveis crescentes de Correlação de Pearson entre os valores genéticos reais e os efeitos dos grupos de contemporâneos. Estes níveis apresentavam correlação média de 0,00; 0,25; 0,50; 0,75 e 1,00 conforme Tabela 1.

Tabela 1 Código utilizado para as populações simuladas, Correlação de Pearson entre valores genéticos verdadeiros e grupos de contemporâneos, número de repetições e tamanhos de população

| Código da população | Correlação de Pearson | Nº de repetições | Tamanho da população |
|---------------------|-----------------------|------------------|----------------------|
| TP_0,00 | 0,00 | 10 | 5.000 |
| TP_0,25 | 0,25 | 10 | 5.000 |
| TP_0,50 | 0,50 | 10 | 5.000 |
| TP_0,75 | 0,75 | 10 | 5.000 |
| TP_1,00 | 1,00 | 10 | 5.000 |

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

Para verificar o efeito dos diferentes níveis de correlação entre o valor genético dos touros e os efeitos dos grupos de contemporâneos, foi calculado 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 GC (QME_GC), como a média dos quadrados das diferenças entre os valores 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 verdadeiro. Quanto mais próximo de zero maior é a acurácia da predição dos valores genéticos.

Foram calculadas também: (1) a Correlação de Spearman (CS) entre os valores genéticos verdadeiros e os preditos e; (2) as regressões lineares: (a) entre os níveis de correlação de Pearson e as Correlações de Spearman obtidas e; (b) entre os níveis de correlação de Pearson e os quadrados médios dos erros.

Resultados e Discussão

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), encontram-se na Tabela 2. Observa-se que o quadrado médio do erro para grupos de contemporâneos (QME_GC) e para os valores genéticos (QME_VG) foram maiores para níveis mais altos de Correlação de Pearson, indicando que quanto maior for o tratamento preferencial maior dificuldade terá a metodologia em isolar o valor genético das demais fontes de variação.

Na ausência de tratamento preferencial (0,00% de Correlação de Pearson entre valor genético verdadeiro e efeito de grupo de contemporâneos) 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 preferencial

(100% de Correlação de Pearson entre valor genético e efeito de grupo de contemporâneo) a metodologia demonstrou-se ineficiente em ordenar os indivíduos pelo seu valor genético, apresentando Correlação de Spearman próximo de zero. Foram obtidas ainda as regressões lineares $\hat{Y} = 43,16 + 2,92X$, $\hat{Y} = 90,65 + 1,44X$, $\hat{Y} = 0,86 + 0,00894X$ para o quadrado médio do erro associado ao valor genético, para o quadrado médio do erro associado ao efeito de grupo contemporâneo e para a Correlação de Spearman, respectivamente. Todas as regressões foram significativas demonstrando que quanto maior o tratamento preferencial maior será o erro associado à predição do valor genético, à estimação do efeito de grupo de contemporâneos e menor será a Correlação de Spearman entre os valores genéticos preditos e os valores genéticos verdadeiros.

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 | QME_GC | CS |
|---------|----------------|-----------------|--------------|
| TP_0,00 | 115,77 ± 7,34 | 111,53 ± 82,26 | 0,84 ± 0,025 |
| TP_0,10 | 149,70 ± 14,75 | 75,87 ± 36,24 | 0,79 ± 0,036 |
| TP_0,25 | 231,93 ± 24,91 | 102,40 ± 43,78 | 0,67 ± 0,054 |
| TP_0,50 | 343,04 ± 33,32 | 192,08 ± 85,97 | 0,39 ± 0,061 |
| TP_0,75 | 400,41 ± 41,18 | 235,39 ± 102,15 | 0,15 ± 0,044 |
| TP_1,00 | 379,33 ± 88,81 | 202,25 ± 61,44 | -0,01 ± 0,06 |

Conclusões

Maiores níveis de correlação entre valores genéticos e efeitos de grupos de contemporâneos resultam em menor acurácia na predição dos valores genéticos com consequência negativa para a classificação dos indivíduos.

A não aleatoriedade dos genótipos em grupos de contemporâneos representa um problema na avaliação genética e pode reduzir a eficiência no processo seletivo.

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.
- 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.