



Efeito do tamanho de grupos de contemporâneo na avaliação genética animal

José Marques Carneiro Júnior¹, Giselle Mariano Lessa de Assis², Williane Maria de Oliveira Martins³

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

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

³Graduanda 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 tamanho de grupos de contemporâneos na avaliação genética animal. Foram simuladas seis estruturas de população com número crescente de animais por grupo de contemporâneo: 4, 10, 25, 30, 50 e 200. Cada estrutura de população foi repetida cinco 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 dos diferentes tamanhos de grupos de contemporâneos 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. Foi observado que os Quadrados Médios dos Erros diminuíram conforme o número de indivíduos aumentou por grupo de contemporâneo, indicando que a acurácia da estimativa dos efeitos de grupos de contemporâneos e da predição dos valores genéticos é diretamente proporcional ao número de indivíduos. Entretanto, não foi observada alteração significativa na classificação dos indivíduos, demonstrando que a metodologia de modelos mistos é eficiente em classificar os animais, mesmo com grupos de contemporâneos de pequeno tamanho, em análises com uma única característica. Concluiu-se que grupos de contemporâneos com pelo menos 10 animais são necessários para uma adequada avaliação genética.

Palavras-chave: acurácia, efeitos fixos, quadrado médio do erro, simulação, valores genéticos

Effect of contemporary group size in animal genetic evaluation

Abstract: Simulated data were used to evaluate the influence of contemporary groups on animal genetic evaluation. Six population structures were simulated with increasing animal's number per group: 4, 10, 25, 30, 50 and 200. Each population structure was repeated five times. MTDFREML program was employed to estimate contemporary group's effects and prediction of breeding values. The variables used to verify the effect of different contemporary group sizes 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 observed that Mean Square Errors reduced as the individuals by contemporary group increased, indicating that accuracy of estimate contemporary group's effects and the breeding values prediction is directly proportional to the number of individuals. However, no significant change was observed in individual's ranking, showing that the Mixed Model Methodology is effective on animal's classification, even with contemporary groups of small size, in analyses with a single characteristic. It was concluded that contemporary groups with at least 10 animals are needed for an adequate genetic evaluation.

Keywords: accuracy, breeding value, fixed effect, mean square error, simulation

Introdução

Um dos principais objetivos da avaliação genética animal consiste na predição acurada dos valores genéticos individuais para uma determinada característica. Entretanto, a dificuldade está no fato de que, nem sempre, os melhores fenótipos representam as melhores opções genéticas de um rebanho. Além disso, inúmeros são os 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.

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. Segundo Oliveira (1995), uma das principais dificuldades encontradas na formação de grupos de contemporâneos é a definição do tamanho ideal dos mesmos, de modo que possam conter o maior número de indivíduos e abranger as condições de ambiente menos heterogêneas possíveis. Quanto menos subdivididos em grupos forem os dados, maior será o número de indivíduos por grupo, o que pode ser positivo para a avaliação. Por outro lado, se os indivíduos que pertencem a um mesmo grupo estiverem sujeitos a grandes diferenças ambientais, sérios equívocos podem ocorrer na ponderação de seus efeitos.

Dentro deste contexto, o objetivo do presente trabalho foi avaliar a influência do tamanho de grupos de contemporâneos na estimação dos efeitos fixos e verificar a sua influência na predição dos valores genéticos individuais.

Material e Métodos

Os dados utilizados neste trabalho foram simulados utilizando o programa 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, conforme Tabela 1.

Tabela 1 Código utilizado para as populações simuladas, número de grupo de contemporâneos (NGC), número de animais por grupo de contemporâneo (Animais/GC), número de repetições (NR) e tamanhos da população

Código da população	NGC	Animais/GC	NR	Tamanho da população
GC_4	2500	4	5	10.000
GC_10	1000	10	5	10.000
GC_15	400	25	5	10.000
GC_30	333	30	5	10.000
GC_50	200	50	5	10.000
GC_200	50	200	5	10.000

A estimação dos efeitos dos grupos de contemporâneos, 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 tamanhos de grupos de contemporâneos na avaliação genética, 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.

Foi calculada também a Correlação de Spearman entre os valores genéticos verdadeiros e os preditos.

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 os grupos de contemporâneos (QME_GC) e para os valores genéticos (QME_VG) diminuíram com o aumento do número de indivíduos por grupo, sendo, respectivamente, de 210,06 e 143,70 para a estrutura de população com quatro indivíduos e de 7,36 e 115,93 para a estrutura com 200 animais (Tabela 2). Entretanto, a partir de dez animais por grupo, o decréscimo no QME_VG foi menos acentuado quando comparado com o decréscimo no intervalo de quatro para dez animais por GC, indicando que dez animais por grupo é um tamanho adequado.

Segundo Ugarte et al. (1992), quanto menor o tamanho do GC, mais valores de grupos de contemporâneos necessitam ser estimados, aumentando a importância da perda de graus de liberdade, devido à estimação dos efeitos fixos. Desta forma, a acurácia da estimativa dos efeitos fixos e,

conseqüentemente, da predição dos valores genéticos está diretamente associada ao número de indivíduos por grupo de contemporâneo, fato observado neste trabalho.

Em análise preliminar dos dados foi verificada 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, conforme Tabela 2.

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
GC_4	143,70 $\pm$ 8,84	210,06 $\pm$ 9,08	0,91 $\pm$ 0,01
GC_10	123,40 $\pm$ 5,64	82,12 $\pm$ 2,99	0,92 $\pm$ 0,01
GC_15	122,12 $\pm$ 3,24	54,70 $\pm$ 2,42	0,92 $\pm$ 0,01
GC_30	116,35 $\pm$ 4,40	28,58 $\pm$ 3,70	0,93 $\pm$ 0,01
GC_50	116,29 $\pm$ 7,93	17,71 $\pm$ 2,25	0,92 $\pm$ 0,01
GC_200	115,93 $\pm$ 4,71	7,36 $\pm$ 4,07	0,92 $\pm$ 0,01

Conclusões

Quanto maior o tamanho dos grupos de contemporâneos, maior a acurácia na estimação dos efeitos fixos e 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.

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.
- OLIVEIRA, H. N. **Grupos de contemporâneos e conectabilidade**. I curso sobre avaliação genética em bovinos de corte. Ribeirão Preto – SP. 1995.
- SAS Institute. **SAS/STAT, Software: changes and enhancement through release 8.2**. Cary, 2000.
- UGARTE, E.; ALENDA, R.; CARABAÑO, M. J. Fixed or random contemporary groups in genetic evaluations. **Journal Dairy Science**, v.75, p.269-278. 1992.
- 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.