



Acta Scientiarum. Animal Sciences

ISSN: 1806-2636

eduem@uem.br

Universidade Estadual de Maringá
Brasil

Souza Carneiro, Antonio Policarpo; de Almeida Torres, Robledo; Lopes, Paulo Sávio; Euclides, Ricardo Frederico; Souza Carneiro, Paulo Luiz; Fonseca e Silva, Fabyano
Heterogeneidade e avaliação genética em bovinos, estudo utilizando dados simulados
Acta Scientiarum. Animal Sciences, vol. 30, núm. 1, 2008, pp. 113-119
Universidade Estadual de Maringá
.png, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=303126491015>

- Como citar este artigo
- Número completo
- Mais artigos
- Home da revista no Redalyc

redalyc.org

Sistema de Informação Científica

Rede de Revistas Científicas da América Latina, Caribe, Espanha e Portugal
Projeto acadêmico sem fins lucrativos desenvolvido no âmbito da iniciativa Acesso Aberto

Heterogeneidade e avaliação genética em bovinos, estudo utilizando dados simulados

Antonio Policarpo Souza Carneiro^{1*}, Robledo de Almeida Torres², Paulo Sávio Lopes², Ricardo Frederico Euclides², Paulo Luiz Souza Carneiro³ e Fabyano Fonseca e Silva¹

¹Departamento de Informática, Universidade Federal de Viçosa, 36571-000, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. ²Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. ³Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Jequié, Bahia, Brasil. *Autor para correspondência. E-mail: policarpo@dpi.ufv.br

RESUMO. Para estudar os efeitos de heterogeneidade sobre a avaliação genética de bovinos, foram simuladas várias estruturas de dados com heterogeneidade para diferentes parâmetros, com e sem conexidade genética entre rebanhos. O "software" Genesys foi usado para gerar os dados e a metodologia MTDFREML para analisar estes dados. Os valores mais baixos de correlações de ordem (correlação de Spearman) entre valores genéticos verdadeiros e preditos foram obtidos para a estrutura de dados em que os rebanhos apresentavam heterogeneidade para todos os parâmetros. Para as estruturas de dados com médias genéticas similares e heterogeneidade para outros parâmetros, as correlações entre valores genéticos foram superiores a 70% e próximas às obtidas para dados sem heterogeneidade, indicando que a heterogeneidade para variâncias e média fenotípica tem pequeno efeito sobre a avaliação genética. A alta conexidade genética dos dados melhorou a predição dos valores genéticos de touros, mas este efeito não foi notado na avaliação genética das progénies e, principalmente, das vacas. As correlações de ordem calculadas com base nas previsões das análises de característica única e de características múltiplas foram muito semelhantes, indicando que a análise de características múltiplas não foi eficiente para eliminar os problemas de heterogeneidade para média genética.

Palavras-chave: conexidade, correlação de ordem, estrutura de dados, simulação.

ABSTRACT. Heterogeneity and genetic evaluation in bovines, a study using simulated data. In order to study the effects of heterogeneity on bovine genetic evaluation, several structures of data were simulated with heterogeneity for different parameters, with and without genetic connexity among herds. The Genesys software was used to generate the data and the MTDFREML methodology was employed to analyze this data. The lowest values of the rank correlations (Spearman correlation) were obtained for the data structure of herds with heterogeneity for all parameters. For the structures of data with similar genetic means and heterogeneity for others parameters, the correlations between breeding values were greater than 70% and near those obtained for data without heterogeneity, which indicates that the heterogeneity for variances and phenotypic mean has little effect on genetic evaluation. The high genetic connexity of data improved the prediction of breeding values of bulls, but this effect was not noted for progenies and, mainly, the genetic evaluation of cows. The rank correlations based on predictions from single and multiple traits analysis were very similar, indicating that the multiple trait analysis was not efficient in eliminating the problems of genetic means heterogeneity.

Key words: connexity, rank correlation, structure of data, simulation.

Introdução

Nos últimos anos, o melhoramento genético e as técnicas de produção têm apresentado grande desenvolvimento. Variações no processo de seleção e no sistema de manejo podem levar a diferentes médias e variâncias para produção entre rebanhos. Os rebanhos bovinos apresentam grande variabilidade de produção entre regiões e até dentro da mesma região. As condições ambientais de cada localidade são citadas como as principais causas desta variabilidade.

Vários trabalhos têm relatado a presença de heterogeneidade de variâncias entre rebanhos bovinos e associação positiva entre média e variância de produção (Torres *et al.*, 2000; Weigel *et al.*, 2001; Balieiro *et al.*, 2002). Assim, a hipótese de homogeneidade de variâncias, assumida nos modelos utilizados para avaliação genética, nem sempre é atendida. Segundo Gianola *et al.* (1992), assumir a hipótese de homogeneidade na estrutura de dispersão dos dados, quando ela não é atendida,

leva a grandes prejuízos na resposta à seleção. Alguns autores relataram que quando a heterogeneidade de variâncias não é devidamente considerada, pode ocorrer predição viesada do valor genético dos animais e redução do progresso genético (Rodriguez-Almeida *et al.*, 1995a e b; Meuwissen *et al.*, 1996).

Duas linhas básicas de abordagem sobre avaliação genética na presença de heterogeneidade de variâncias têm sido seguidas. Uma propõe o uso de transformações dos dados ou de fatores de ajustamento que visam eliminar a heterogeneidade. Outra linha propõe o uso de modelos que consideram a heterogeneidade, tais como modelos de características múltiplas, buscando ponderar adequadamente as observações de acordo com as diferentes variâncias em cada classe de heterogeneidade, e considerando a estrutura de covariâncias entre estas classes. De acordo com Martins (2002), estas estratégias são eficientes apenas para situações muito específicas, dificilmente observadas na prática.

As estratégias de avaliação genética, na presença de heterogeneidade, têm sido testadas para dados reais de rebanhos bovinos. Torres *et al.* (2000) concluíram que as transformações de dados não eliminaram a heterogeneidade entre classes de desvio-padrão fenotípico para produção de leite na raça Holandesa no Brasil. Estes autores também relataram correlações de ordem próximas da unidade entre valores genéticos, obtidos nas análises de características múltiplas, considerando as classes de baixo, médio e alto desvio-padrão fenotípico para produção, e os obtidos na análise de característica única, indicando que os reprodutores seriam classificados da mesma maneira nos dois tipos de análises. Weigel *et al.* (2001) realizaram avaliação genética entre países em bovino de leite, utilizando o modelo de características múltiplas, no qual a medida das lactações efetuadas em cada país foi considerada como uma característica distinta, e encontraram correlação genética alta, mesmo entre países que possuíam diferentes sistemas de produção.

A quantificação da eficiência das metodologias de avaliação genética não é fácil. Atualmente, a simulação de dados destaca-se como ferramenta muito útil para testar a eficiência de metodologias de avaliação genética, principalmente quando o valor genético verdadeiro dos animais simulados é conhecido sem erro. Nesses casos, é possível verificar qual metodologia permite obter predições de valores genéticos mais próximos dos valores verdadeiros.

Assim, os objetivos, neste trabalho, foram: identificar quais parâmetros heterogêneos que afetam a ordem de classificação de touros, vacas e

progênies; avaliar a importância da conexidade genética dos dados em avaliações genéticas na presença de heterogeneidade entre rebanhos e avaliar a eficiência da análise de características múltiplas para eliminar os efeitos da heterogeneidade entre rebanhos sobre a avaliação genética.

Material e métodos

Os dados utilizados neste trabalho foram simulados utilizando-se o programa *Genesys* de simulação genética (Euclides, 1996). Este programa permite a simulação do genoma de animais para diferentes características, além de simular o comportamento dos genes durante o processo reprodutivo ao longo de várias gerações. No *Genesys*, para cada característica simulada, são definidos o número de locos e alelos envolvidos, o efeito aditivo de cada alelo, o número de efeitos fixos e as suas magnitudes, bem como os valores de herdabilidade e dos parâmetros genéticos e fenotípicos, além do tamanho da população, proporção macho:fêmea, número de descendentes/fêmea e número de gerações. O valor genético para um animal simulado é obtido pela soma dos efeitos aditivos dos alelos presentes no genoma deste animal, portanto, os valores genéticos verdadeiros são conhecidos sem erros.

Neste trabalho, foi simulado um genoma de 2.000 centimorgans de comprimento, para uma característica determinada por 200 locos com dois alelos por loco, tendo os alelos apenas efeitos aditivos. As frequências iniciais dos alelos foram simuladas com base na distribuição uniforme com média 0,50. Os locos foram distribuídos em 15 pares de cromossomos autossômicos de tamanhos aleatórios. Além do efeito de sexo, foi simulado o efeito de ambiente relativo a 15 rebanhos. Os efeitos aleatórios foram simulados conforme a distribuição normal. A soma do valor genético verdadeiro, do efeito de sexo, rebanho e aleatório gerou o valor fenotípico de cada animal simulado que foi utilizado para predizer os valores genéticos.

Foram simulados os genomas de 4.500 fêmeas e 4.500 machos que formaram a população base. A partir da população base, foram amostrados, aleatoriamente, 75 machos e 3.750 fêmeas, cada macho foi acasalado com 50 fêmeas, dando origem à população inicial com 37.500 progênies, distribuídas em 15 rebanhos. Os machos tinham progênies em todos os rebanhos ou em apenas um rebanho de acordo com o padrão de conexidade genética desejado.

A população inicial de cada rebanho era de 2.500 progênies, este número foi reduzido para 500

progêñies por rebanho para gerar níveis de heterogeneidade para variância genética. Em cada rebanho, ordenaram-se as 2.500 progêñies com base no valor genético verdadeiro e retiraram-se 500 progêñies em intervalos de 5, 3 e 2 progêñies, gerando rebanhos com alta, média e baixa variância genética, respectivamente.

Foram criados quatro tipos de heterogeneidade que podem ocorrer em rebanhos bovinos. As quatro estruturas de dados criadas diferiam quanto aos parâmetros fenotípicos e/ou genéticos que eram heterogêneos entre rebanhos. Na primeira estrutura de dados (Tabela 1), os rebanhos apresentavam heterogeneidade para todos os parâmetros considerados. Foram simulados três níveis de variabilidade em termos de variância fenotípica, ou seja, rebanhos de alta, média e baixa variância fenotípica, cada nível com cinco rebanhos. Rebanhos com alta variância fenotípica também possuíam alta variância genética, alta média fenotípica e alta média genética.

Tabela 1. Médias para parâmetros fenotípicos e genéticos nos três níveis de variabilidade fenotípica para rebanhos com heterogeneidade em todos os parâmetros.

Table 1. Averages for phenotypic and genetic parameters in three levels of phenotypic variability for herds with heterogeneity in all parameters.

Parâmetros Parameters	Variabilidade fenotípica Phenotypic variability		
	Alta High	Média Medium	Baixa Low
σ_p^2	637	342	204
σ_g^2	197	81	43
μ_p	285	219	150
μ_g	210	182	154

σ_p^2 : Variância fenotípica; σ_g^2 : Variância genética; μ_p : Média fenotípica; μ_g : Média genética.

σ^2 : Phenotypic variance; σ^2_g : Genetic variance; μ_p : Phenotypic mean; μ_g : Genetic mean.

Na segunda estrutura de dados (Tabela 2), os rebanhos apresentavam heterogeneidade para variância fenotípica, variância genética e média fenotípica. No entanto, as médias genéticas eram similares entre os níveis de variabilidade fenotípica, ou seja, todos os rebanhos tinham animais com potencial genético semelhante.

Tabela 2. Médias para parâmetros fenotípicos e genéticos nos três níveis de variabilidade fenotípica para rebanhos com média genética similar.

Table 2. Averages for phenotypic and genetic parameters in three levels of phenotypic variability for herds with similar genetic means.

Parâmetros Parameters	Variabilidade fenotípica Phenotypic variability		
	Alta High	Média Medium	Baixa Low
σ_p^2	934	587	369
σ_g^2	483	307	207
μ_p	267	233	199
μ_g	188	187	189

σ_p^2 : Variância fenotípica; σ_g^2 : Variância genética; μ_p : Média fenotípica; μ_g : Média genética.

σ^2 : Phenotypic variance; σ^2_g : Genetic variance; μ_p : Phenotypic mean; μ_g : Genetic mean.

Na terceira estrutura de dados (Tabela 3), os rebanhos apresentavam heterogeneidade apenas para variância fenotípica e média fenotípica. Nesta estrutura, o aumento de variância fenotípica entre rebanhos foi acompanhado por aumento na média fenotípica, porém, a média genética e a variância genética foram similares entre os diferentes níveis de variabilidade. Representando situações reais para rebanhos bovinos, em que apenas fatores ambientais são responsáveis pela heterogeneidade entre rebanhos.

Tabela 3. Médias para parâmetros fenotípicos e genéticos nos três níveis de variabilidade fenotípica para rebanhos com heterogeneidade fenotípica.

Table 3. Averages for phenotypic and genetic parameters in three levels of phenotypic variability for herds with phenotypic heterogeneity.

Parâmetros Parameters	Variabilidade fenotípica Phenotypic variability		
	Alta High	Média Medium	Baixa Low
σ_p^2	862	730	664
σ_g^2	468	489	488
μ_p	263	237	190
μ_g	185	191	189

σ_p^2 : Variância fenotípica; σ_g^2 : Variância genética; μ_p : Média fenotípica; μ_g : Média genética.

σ^2 : Phenotypic variance; σ^2_g : Genetic variance; μ_p : Phenotypic mean; μ_g : Genetic mean.

Na quarta estrutura de dados (Tabela 4), os rebanhos não apresentavam heterogeneidade para nenhum parâmetro. As variâncias fenotípicas e genéticas, bem como as médias fenotípicas e genéticas foram similares entre os rebanhos. Mas mesmo assim, os 15 rebanhos simulados foram reunidos em três grupos de cinco rebanhos/grupo. Este agrupamento permitiu avaliar a acurácia das avaliações genéticas, utilizando análise de característica múltipla, na presença e na ausência de heterogeneidade entre rebanhos.

Tabela 4. Médias para parâmetros fenotípicos e genéticos em três grupos de rebanhos para estrutura de dados sem heterogeneidade entre rebanhos.

Table 4. Averages for phenotypic and genetic parameters in three herd groups for structures without heterogeneity among herds.

Parâmetros Parameters	Grupos de rebanhos Herd groups		
	Grupo 1 Group 1	Grupo 2 Group 2	Grupo 3 Group 3
σ_p^2	725	714	727
σ_g^2	457	442	469
μ_p	228	223	223
μ_g	190	187	187

σ_p^2 : Variância fenotípica; σ_g^2 : Variância genética; μ_p : Média fenotípica; μ_g : Média genética.

σ^2 : Phenotypic variance; σ^2_g : Genetic variance; μ_p : Phenotypic mean; μ_g : Genetic mean.

Além das estruturas de heterogeneidade citadas anteriormente, foram simulados dois padrões de conexidade genética entre rebanhos. Dados sem conexidade genética, em que touros com progêñies em determinado rebanho não tinham progêñies nos outros rebanhos. E dados com 100% de conexidade

genética, em que todos os touros tinham progêneres distribuídos nos 15 rebanhos simulados.

A combinação de quatro estruturas de heterogeneidade e dois padrões de conexidade genética gerou oito arquivos de dados disponíveis para avaliação genética.

Para predição dos valores genéticos, a partir dos arquivos de dados disponíveis, dois tipos de análises foram efetuadas. Na primeira análise, ignorou-se a presença de heterogeneidade genética ou fenotípica entre os rebanhos e efetuou-se análise de característica única, utilizando-se o modelo animal com efeitos fixos de sexo e rebanho. Na segunda análise, o nível de variabilidade fenotípica dos rebanhos foi considerado em análise de características múltiplas. A partir dos dados simulados, gerou-se um novo arquivo com três características: produção no nível de alta, média e baixa variabilidade. Assim, a mesma característica foi avaliada em análise de características múltiplas como se fosse uma característica distinta em cada nível de variabilidade fenotípica. Nesta análise, para cada animal, foram preditos três valores genéticos correspondentes aos três níveis de variabilidade.

A partir dos valores genéticos preditos, calculou-se a correlação de ordem (correlação de Spearman) para a classificação dos animais com base nos valores genéticos preditos e valores genéticos verdadeiros, separadamente para touros, vacas e progêneres. A correlação de ordem entre valores genéticos preditos e verdadeiros foi utilizada para quantificar o efeito do tipo de heterogeneidade sobre a classificação genética dos animais, para avaliar a eficiência das análises testadas e para verificar o efeito da conexidade genética sobre a avaliação genética na presença de heterogeneidade.

As estimativas dos componentes de variância, bem como a predição dos valores genéticos dos animais simulados, foram obtidas através do MTDFREML (*Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood*). Utilizou-se o pacote estatístico SAS - *Statistical Analysis System* (Littell *et al.*, 1993) para verificar a heterogeneidade entre rebanhos, para preparar os arquivos de dados para as análises e para calcular as correlações de ordem entre os valores genéticos preditos e verdadeiros.

Resultados e discussão

As estimativas de correlações de ordem entre valores genéticos verdadeiros e preditos para a estrutura de dados RHTP (Rebanhos com Heterogeneidade em Todos os Parâmetros) e 0% de conexidade genética foram muito baixas tanto nas análises de característica única quanto nas análises de

características múltiplas. Estas estimativas variaram de 2,03 a 2,54%, de -0,14 a 1,23% e de 10,16 a 15,31%, respectivamente, para as classificações de touros, vacas e progêneres (Tabela 5).

Tabela 5. Correlação de ordem (%) entre valores genéticos verdadeiros e preditos em diferentes análises para touros, vacas e progêneres, em rebanhos com 0 e 100% de conexidade genética (CG) para a estrutura RHTP¹.

Table 5. Rank correlation (%) between true and predicted breeding values in different analyses for bulls, cows and progenies, in herds with 0 and 100% genetic connectivity (CG), for the structure HHAP¹.

	Avaliação genética Genetic evaluation			
	² VG-UNI ² BV-ST	³ VG-ALTA ³ BV-HIGH	³ VG-MÉDIA ³ BV-MEDIUM	³ VG-BAIXA ³ BV-LOW
	CG-0 GC-0			
Touros	2,54	2,32	2,13	2,03
<i>Bulls</i>				
Vacas	1,23	-0,12	-0,14	-0,14
<i>Cows</i>				
Progêneres	10,16	15,31	15,17	15,13
<i>Progenies</i>				
	CG-100 GC-100			
Touros	93,87	95,81	95,78	90,99
<i>Bulls</i>				
Vacas	17,14	3,22	3,26	3,43
<i>Cows</i>				
Progêneres	42,40	43,64	43,63	42,07
<i>Progenies</i>				

¹RHTP: Rebanhos com heterogeneidade em todos os parâmetros; ²VG-UNI: Valores genéticos preditos em análise de característica única e ³VG-Alta, VG-Média e VG-Baixa: Valores genéticos preditos em análise de características múltiplas para os níveis de alta, média e baixa variabilidade fenotípica.

¹HHAP: Herds with heterogeneity in all parameters; ²BV-ST: Predicted breeding values in single trait analyses and ³BV-High, BV-Medium and BV-Low: Predicted breeding values in multiple-trait analyses, to high, medium and low levels of phenotypic variability.

Segundo Crews e Franke (1998), valores de correlações de ordem inferiores a 70% refletem alterações importantes na classificação dos animais, e estas alterações comprometerão a seleção e o progresso genético. Neste trabalho, os valores baixos para as correlações de ordem indicam que a ordem de classificação dos animais com base nos valores genéticos preditos e verdadeiros é muito diferente. Consequentemente, muitos animais de baixo potencial genético podem estar classificados, incorretamente, entre aqueles geneticamente superiores, prejudicando a eficiência da seleção.

A existência de conexidade genética entre rebanhos resultou em aumento nas correlações de ordem entre valores genéticos verdadeiros e preditos. Quando os touros tinham progêneres em todos os rebanhos (CG-100), as correlações de ordem para touros foram superiores a 90%. Porém, na avaliação genética de vacas e progêneres, o efeito da conexidade genética não foi muito expressivo. Mesmo para dados com 100% de conexidade genética, as correlações de ordem ainda permaneceram baixas, variando de 3,22 a 17,14% para vacas e de 42,07 a 43,64% para progêneres (Tabela 5).

Weigel *et al.* (2001), em avaliação genética de bovinos de leite, encontraram grandes alterações na

ordem de classificação de touros em diferentes países. Segundo os autores, este resultado pode refletir as diferenças nos sistemas de produção de cada país, ou simplesmente, uma carência de informação devido à pequena ligação genética entre os países pelo uso de poucos touros em comum. Através dos dados simulados neste trabalho ficou claro que a heterogeneidade entre rebanhos não prejudicou a avaliação genética de touros, quando havia conexidade genética entre rebanhos.

Com exceção da avaliação genética de touros para dados com 100% de conexidade genética entre rebanhos, os demais valores de correlação de ordem foram inferiores a 50%, indicando muitas alterações na classificação dos animais e baixa acurácia na predição dos valores genéticos, quando a heterogeneidade para variância fenotípica também é acompanhada pela heterogeneidade para variância genética e médias fenotípicas e genéticas (Tabela 5).

Os demais tipos de heterogeneidade entre rebanhos que foram simuladas não afetaram a acurácia das avaliações genéticas. As correlações de ordem para as estruturas de heterogeneidade RMGS (Rebanhos com Médias Genéticas Similares), RHF (Rebanhos com Heterogeneidade Fenotípica) e RSH (Rebanhos Sem Heterogeneidade) foram superiores a 70%, independentemente da conexidade genética e do tipo de análise utilizada na avaliação genética (Tabelas 6, 7 e 8).

Tabela 6. Correlação de ordem (%) entre valores genéticos verdadeiros e preditos em diferentes análises para touros, vacas e progêneres, em rebanhos com 0 e 100% de conexidade genética (CG) para a estrutura RMGS¹.

Table 6. Rank correlation (%) between true and predicted breeding values in different analyses for bulls, cows and progenies, in herds with 0 and 100% of genetic connectivity (GC), for the structure HSGM¹.

Avaliação genética Genetic evaluation				
	² VG-UNI ² BV-ST	³ VG-ALTA ³ BV-HIGH	³ VG-MÉDIA ³ BV-MEDIUM	³ VG-BAIXA ³ BV-LOW
CG-0 GC-0				
Touros	89,63	86,45	87,44	90,05
Bulls				
Vacas	79,68	76,54	77,77	79,34
Cows				
Progêneres	72,93	69,42	68,80	71,22
Progenies				
CG-100 GC-100				
Touros	93,46	91,02	93,49	93,38
Bulls				
Vacas	79,63	79,66	79,76	79,77
Cows				
Progêneres	73,37	71,57	72,11	72,22
Progenies				

¹RMGS: Rebanhos com médias genéticas similares; ²VG-UNI: Valores genéticos preditos em análise de característica única e ³VG-Alta, VG-Média e VG-Baixa: Valores genéticos preditos em análise de características múltiplas para os níveis de alta, média e baixa variabilidade fenotípica

¹HSGM: ¹herds with similar genetic means; ²BV-ST: Predicted breeding values in single trait analyses and ³BV-High, BV-Medium and BV-Low: Predicted breeding values in multiple-trait analyses, to high, medium and low levels of phenotypic variability.

Tabela 7. Correlação de ordem (%) entre valores genéticos verdadeiros e preditos em diferentes análises para touros, vacas e progêneres, em rebanhos com 0 e 100% de conexidade genética (CG) para a estrutura RHF¹.

Table 7. Rank correlation (%) between true and predicted breeding values in different analyses for bulls, cows and progenies, in herds with 0 and 100% of genetic connectivity (GC), for the structure RHF¹.

Avaliação genética Genetic evaluation				
	² VG-UNI ² BV-ST	³ VG-ALTA ³ BV-HIGH	³ VG-MÉDIA ³ BV-MEDIUM	³ VG-BAIXA ³ BV-LOW
CG-0 GC-0				
Touros	97,05	91,03	87,31	87,38
Bulls				
Vacas	82,50	76,70	74,06	75,29
Cows				
Progêneres	82,93	77,45	74,86	76,28
Progenies				
CG-100 GC-100				
Touros	97,77	96,08	97,06	94,50
Bulls				
Vacas	82,62	80,87	82,33	82,02
Cows				
Progêneres	83,71	81,45	83,04	80,75
Progenies				

¹RHF: Rebanhos com heterogeneidade fenotípica; ²VG-UNI: Valores genéticos preditos em análise de característica única e ³VG-Alta, VG-Média e VG-Baixa: Valores genéticos preditos em análise de características múltiplas para os níveis de alta, média e baixa variabilidade.

¹RHF: Rebanhos com heterogeneidade fenotípica; ²VG-UNI: Valores genéticos preditos em análise de característica única e ³VG-Alta, VG-Média e VG-Baixa: Valores genéticos preditos em análise de características múltiplas para os níveis de alta, média e baixa variabilidade.

Tabela 8. Correlação de ordem (%) entre valores genéticos verdadeiros e preditos em diferentes análises para touros, vacas e progêneres, em rebanhos com 0 e 100% de conexidade genética (CG) para a estrutura RSH¹.

Table 8. Rank correlation (%) between true and predicted breeding values in different analyses for bulls, cows and progenies, in herds with 0 and 100% of genetic connectivity (GC), for the structure RSH¹.

Avaliação genética Genetic evaluation				
	² VG-UNI ² BV-ST	³ VG-Grupo 1 ³ BV-Group 1	³ VG-Grupo 2 ³ BV-Group 2	³ VG-Grupo 3 ³ BV-Group 3
CG-0 GC-0				
Touros	95,77	95,62	95,64	95,54
Bulls				
Vacas	81,65	81,67	81,66	81,66
Cows				
Progêneres	82,24	82,20	82,21	82,19
Progenies				
CG-100 GC-100				
Touros	97,76	97,84	97,72	97,73
Bulls				
Vacas	82,01	82,01	82,00	82,00
Cows				
Progêneres	83,11	83,07	83,05	83,06
Progenies				

¹RSH: Rebanhos sem heterogeneidade; ²VG-UNI: Valores genéticos preditos em análise de característica única e ³VG-Grupo 1, VG-Grupo 2 e VG-Grupo 3: Valores genéticos preditos em análise de características múltiplas para grupos de rebanhos.

¹RSH: Rebanhos sem heterogeneidade; ²VG-UNI: Valores genéticos preditos em análise de característica única e ³VG-Grupo 1, VG-Grupo 2 e VG-Grupo 3: Valores genéticos preditos em análise de características múltiplas para grupos de rebanhos.

Na análise de característica única, as correlações de ordem entre valores genéticos preditos e verdadeiros obtidas para as estruturas de dados RHF e RSH, foram muito similares entre si. Estas correlações foram superiores a 95% para touros e superiores a 80% para vacas e progêneres (Tabelas 7 e 8), sendo

apenas ligeiramente superiores às correlações obtidas para a estrutura de dados RMGS (Tabela 6).

Como citado anteriormente, para as estruturas de heterogeneidade RMGS e RHF, as correlações de ordem foram superiores a 70% e próximas às obtidas para dados sem heterogeneidade (RSH). Estes resultados indicaram que para previsões de valores genéticos, a partir de dados com heterogeneidade para parâmetros fenotípicos e para variância genética, porém com médias genéticas similares entre rebanhos, a ordem de classificação dos animais manteve-se próxima à obtida a partir de dados sem heterogeneidade. Porém, quando ocorreu heterogeneidade para todos parâmetros, inclusive para a média genética (RHTP), a ordem de classificação dos animais, principalmente para vacas e progêneres, foi afetada. Portanto, a heterogeneidade para média genética é o tipo de heterogeneidade que teve grande efeito negativo sobre a avaliação genética.

Martins (2002) destacou, como causa da heterogeneidade entre rebanhos as diferenças na composição genética dos animais. Rodriguez-Almeida *et al.* (1995a e b), Nuñez-Domingues *et al.* (1995), Crews e Franke (1998) e Oliveira *et al.* (2001) também encontraram que a heterogeneidade entre grupos genéticos foi fator importante na avaliação de gado de corte. Os resultados citados por estes autores, bem como os encontrados neste trabalho, com dados simulados, são fortes evidências de que o problema da heterogeneidade sobre a avaliação genética é devido basicamente à presença de médias genéticas diferentes entre rebanhos.

Para dados com heterogeneidade, em todos os parâmetros, o grau de conexidade genética entre rebanhos afetou a previsão dos valores genéticos de touros. O efeito negativo da heterogeneidade para média genética sobre a avaliação genética de touros foi pequeno quando os rebanhos apresentavam alta conexidade genética. Porém, a alta conexidade genética não foi suficiente para eliminar os efeitos negativos da heterogeneidade para média genética sobre a avaliação genética das progêneres e, principalmente, das vacas. Os valores das correlações de ordem entre valores genéticos verdadeiros e preditos de progêneres e de vacas foram muito baixos. Mesmo para dados com 100% de conexidade genética entre os níveis de variabilidade, estas correlações foram inferiores a 50%. Usando dados reais, Boldman e Freeman (1990), Meuwissen e Van Der Werf (1993), Torres *et al.* (2000) e Balieiro *et al.* (2002) também encontraram que o efeito da heterogeneidade entre rebanhos foi maior sobre a avaliação genética de vacas.

Oliveira *et al.* (2001) concluíram que na presença de heterogeneidade de variâncias entre grupos genéticos, a análise de características múltiplas foi mais adequada em relação à análise de característica única que ignorava a presença de heterogeneidade. Estes resultados diferem dos encontrados neste trabalho, onde as estimativas das correlações de ordem entre valores genéticos verdadeiros e preditos em análise de características múltiplas foram, em geral, similares aos resultados obtidos nas análises de característica única (Tabelas 5, 6 e 7). Assim, verificou-se que na presença de heterogeneidade para média genética, o uso de análise de característica múltipla não aumentou a correlação de ordem entre valores genéticos verdadeiros e preditos (Tabela 5).

Conclusão

A heterogeneidade entre rebanhos para média genética prejudica a ordem de classificação dos valores genéticos de touros e, principalmente, de vacas e progêneres, mas a heterogeneidade para outros parâmetros tem pequeno efeito sobre a avaliação genética dos animais.

Na presença de heterogeneidade para média genética, a conexidade genética entre rebanhos melhora a acurácia da previsão dos valores genéticos de touros, mas não tem o mesmo efeito sobre a avaliação genética de vacas e de progêneres.

A previsão dos valores genéticos, usando análise de características múltiplas, não é eficiente para eliminar os efeitos negativos da heterogeneidade para média genética sobre a avaliação genética de touros, vacas e progêneres.

Referências

- BALIEIRO, J.C.C. *et al.* Efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Nelore: análises de características múltiplas para peso à desmama. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39., 2002, Recife. *Anais...* Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002.
- BOLDMAN, K.G.; FREEMAN, A.E. Adjustment for heterogeneity of variances by herd production level in dairy cow and sire evaluation. *J. Dairy Sci.*, Champaign, v. 73, n. 2, p. 503-512, 1990.
- CREWS, D.H.; FRANKE, D.E. Heterogeneity of variances for carcass traits by percentage Brahman inheritance. *J. Anim. Sci.*, Champaign, v. 76, p. 1803-1809, 1998.
- EUCLYDES, R.F. *Sistema de simulação genética Genesys: genetic system simulation*. Viçosa: UFV, 1996.
- GIANOLA, D. *et al.* Estimation of heterogeneous variances using empirical Bayes methods: theoretical considerations. *J. Dairy Sci.*, Champaign, v. 75, n. 10, p. 2805-2823, 1992.

- LITTEL, R.C. *et al.* *SAS: statistical analysis system*. 3. ed. Cary: SAS Institute, 1993.
- MARTINS, E.N. Avaliação genética e heterogeneidade de variância. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39., 2002, Recife. *Anais...* Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002.
- MEUWISSEN T.H.E. *et al.* Joint estimation of breeding values and heterogeneous variances of large data sets. *J. Dairy Sci.*, Champaign, v. 79, n. 2, p. 310-316, 1996.
- MEUWISSEN T.H.E.; VAN DER WERF, J.H.J. Impact of heterogeneous within herd variances on dairy cattle breeding schemes: a simulation study. *Livest. Prod. Sci.*, Amsterdam, v. 33, p. 31-41, 1993.
- NUÑES-DOMINGUEZ, R. *et al.* Prediction of genetic values of sire for growth traits of crossbred cattle using a multivariate animal models with heterogeneous variances. *J. Anim. Sci.*, Champaign, v. 73, p. 2940-2950, 1995.
- OLIVEIRA, C.A.L. *et al.* Heterogeneidade de variância nos grupos genéticos formadores as raça Canchim. *Rev. Bras. Zootec.*, Viçosa, v. 30, n. 4, p. 1212-1219, 2001.
- RODRIGUEZ-ALMEIDA, F.A. *et al.* Effect of accounting for different phenotypic variances by sire breed and sex on selection of sires based on expected progeny differences for 200- and 365-day weights. *J. Dairy Sci.*, Champaign, v. 73, n. 9, p. 2589-2599, 1995a.
- RODRIGUEZ-ALMEIDA, F.A. *et al.* Heterogeneity of variance by sire breed, sex, and dam breed in 200- and 365-day weights of beef cattle from a top cross experiment. *J. Anim. Sci.*, Champaign, v. 73, n. 9, p. 2579-2588, 1995b.
- TORRES, R.A. *et al.* Heterogeneidade de variância e avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil. *Rev. Bras. Zootec.*, Viçosa, v. 29, n. 4, p. 1050-1059, 2000.
- WEIGEL, K.A. *et al.* International genetic evaluation of dairy sires using a multiple-trait model with individual animal performance records. *J. Dairy Sci.*, Champaign, v. 84, n. 12, p. 2789-2795, 2001.

Received on October 25, 2006.

Accepted on June 13, 2007.