

INFLUÊNCIA DA ESTRUTURA DOS DADOS SOBRE AS ESTIMATIVAS DE (CO)VARIÂNCIAS PARA CARACTERÍSTICA SOB EFEITO MATERNAL.

FERREIRA, J. L.¹; HELOU, J. B.²; CORRÊA, F. A. F.²; CARVALHEIRO, R.³; REYES, A.⁴

RESUMO

Objetivou-se verificar neste estudo a estrutura dos dados, onde foi considerado o valor da correlação genética entre os efeitos direto e maternal, a razão entre as variâncias e o ano, exercia efeito sobre as estimativas dos componentes de (co)variâncias para peso à desmama. As estimativas de variância genética aditiva maternal foram fortemente influenciadas pela magnitude da correlação genética direta-maternal, pois os efeitos maternais são de grande importância quando se avalia o desempenho em gado de corte, verificando-se maior precisão quando o sinal da correlação foi positivo e a variância genética verdadeira maternal foi superior a direta. As estimativas de covariância genética direta-maternal foram influenciadas pelo valor da correlação entre os efeitos genéticos direto e maternal, bem como pela razão entre as variâncias genéticas direta e maternal e o ano. De maneira geral, foi constatada precisão e acurácia das estimativas de covariâncias genéticas à medida que os anos se distanciaram. Nenhum dos efeitos (C, R e A) influenciou nas estimativas de variância de ambiente permanente maternal. Os resultados negativos frequentemente observados na literatura para covariância genética direta-maternal, pode ser consequência de uma estrutura de dados deficiente, onde informações genealógicas pelo lado maternal sejam fracas, assim como a correlação genética entre os efeitos direto e materno.

PALAVRAS-CHAVE: bovinos, simulação, habilidade maternal, estrutura populacional.

INTRODUÇÃO

Os efeitos maternais são de grande importância quando se avalia o desempenho em gado de corte. Estudos extensivos têm sido conduzidos para quantificar os efeitos maternais sobre diversas características, especialmente aquelas medidas durante o período pré-desmama (WILLHAM, 1963; MEYER, 1992a, b; CLEMENT et al., 2001; MANIATIS & POLLOTT, 2003; BIJMA, 2006). ROEHE & KENNEDY (1993) afirmaram que quando os efeitos genéticos maternais são incluídos no modelo, a informação da genealogia torna-se importante na obtenção de estimativas mais acuradas. Entretanto, quando ignorados ocorre aumento substancial da variância genética aditiva direta, demonstrando a importância relativa da estrutura dos dados nas estimativas. MANIATIS & POLLOTT (2003) determinaram que as estimativas de efeitos genéticos direto e maternal e da correlação entre eles são altamente dependentes do número de registros por mãe, e do número de gerações presentes nos dados analisados. Assim, a estrutura dos dados poderia ser um dos fatores determinantes da correlação genética negativa frequentemente estimada entre efeitos genéticos direto e maternal.

1- Doutorando do Curso de Pós-graduação em Ciência Animal, EV – UFG Campus Samambaia (Campus II). Caixa Postal 1131 – CEP 74001-970 E-mail: jlferreira@uft.edu.br

2 -Acadêmicos do Curso de Medicina Veterinária UFG – Goiânia – GO

3 –Pós-Doutor Zootecnista e Consultor na GenSys Consultores Associados

4 -Professor Melhoramento Genético - Escola de Veterinária/UFG

Assim, objetivou-se estudar os efeitos da magnitude da correlação genética entre efeitos aditivos direto e maternal, da razão entre as variâncias genéticas direta e maternal e do ano nas estimativas de (co)variâncias sobre dados simulados de peso a desmama em gado de corte.

MATERIAL E MÉTODOS

Foi realizada simulação estocástica de 20 réplicas de um rebanho fechado, em acasalamento aleatório, de 1.000 vacas e 20 touros (população base), não aparentados, não selecionados e amostrados aleatoriamente. O rebanho foi composto por vacas com idades de 3 a 15 anos, acasaladas aleatoriamente gerando um bezerro por ano. O descarte anual das vacas obedeceu à idade, com máximo de 15 anos, e diagnóstico negativo de gestação. A seleção contemplou reposição anual de 32% dos touros e 28% das vacas, constituindo-se até o terceiro ano, pela geração aleatória de oito touros e 280 novilhas. Nos anos seguintes, a reposição foi efetuada com animais nascidos três anos antes no próprio rebanho, produzindo sete gerações sobrepostas através dos 20 anos. Esse processo determinou o nascimento anual de 724 bezerros, distribuídos aleatoriamente em 40 grupos contemporâneos (GC). Para o processo de simulação dos dados foram desenvolvidos diversos programas utilizando o SAS (SAS, 2002). O PD foi simulado segundo o seguinte modelo:

$$PD = b_0 + b_1 \cdot idv + b_2 \cdot idv^2 + egc + vga + vgmV + ap + e$$

em que; PD = peso ao desmame; b_0 = intercepto (136 kg.); ($b_1 = 6,551$; $b_2 = -0,417$) coeficientes de regressão parciais linear e quadrático, respectivamente; idv = idade da vaca ao parto, em anos; egc = efeito do grupo contemporâneo; vga = valor genético aditivo direto do animal; vgmV = valor genético aditivo maternal da vaca (mãe); ap = efeito ambiental permanente maternal; e = efeito residual.

As estimativas de (co)variâncias e a predição de valores genéticos, foram obtidas pelo método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) através de modelo animal unicaráter, usando o aplicativo MTDFREML (Multiple-Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood), desenvolvido por BOLDMAN et al. (1995).

Cada cenário foi definido combinando um valor da correlação genética entre os efeitos aditivos direto e maternal, uma razão entre as variâncias genéticas aditivas direta e maternal e um ano particular da evolução da população dentro do processo seletivo. Cinco valores de correlação genética entre os efeitos aditivos direto e maternal foram analisados (-0,50; -0,25; zero; +0,25 e +0,50). Três diferentes razões entre as variâncias direta e maternal foram testadas (75:75; 50:100; 100:50). Foram tomados quatro pontos equidistantes da população, que representaram o efeito do ano (A) nas análises. Causas de diferenças entre anos podem ser atribuídas ao tamanho amostral, distribuição das informações de desempenho e estrutura da genealogia, ao efeito da seleção prévia, e em alguma medida ao acasalamento entre parentes a partir do 3º ano, e conseqüente reprodução dos filhos deles a partir do 7º ano. Os anos testados corresponderam ao quinto, décimo, décimo quinto e vigésimo do desenvolvimento da população simulada.

Assim foram constituídos 60 cenários, definidos pela correlação (C), razão entre as variâncias genéticas direta e maternal (R) e o ano (A), $5(C) \times 3(R) \times 4(A) = 60$ cenários). As estimativas dos componentes de (co)variâncias obtidas em cada cenário foram analisadas individualmente, conforme o modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + C_i + R_j + A_k + (\text{Interações Duplas}) + (\text{Interação Tripla}) + e$$

em que; Y_{ijk} = Estimativas de (co)variâncias de interesse (i.e., S_a^2 , S_{am} , S_m^2 , S_{ap}^2 , etc.); μ = média geral; C_i = efeito do i-ésimo valor da correlação direta-maternal (-0,50; -0,25; zero; +0,25 e +0,50); R_j = efeito da j-ésima razão entre variâncias direta:maternal (75:75; 50:100; 100:50); A_k = efeito do k-ésimo ano (5, 10, 15 e 20); Interações Duplas = $C_i \times R_j$; $C_i \times A_k$; $R_j \times A_k$; Interação Tripla = $C_i \times R_j \times A_k$; e = efeito residual aleatório.

O erro padrão quadrático (EP)² da média das 20 réplicas para cada cenário foi usado como fator de ponderação nas análises. A significância de cada fator sobre as estimativas de (co)variâncias foi testada pelo procedimento GLM do SAS (2002). O erro padrão (EP) das estimativas de cada cenário foi utilizado como critério de precisão, e o viés médio como critério de acurácia.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A Tabela 1 demonstra as significâncias dos efeitos nas estimativas dos componentes de (co)variâncias para peso à desmama de bovinos de corte, em dados simulados, considerando-se apenas os efeitos principais. Comparando-se as contribuições das associações, em ambos os modelos, para o coeficiente de determinação (R^2) observou-se que as mesmas foram mínimas e que os valores de R^2 praticamente permaneceram inalterados, resultando em redução de 0,1% para variância genética aditiva direta e covariância direta-maternal, e 0,3% para variância genética maternal.

Tabela 4. Significâncias dos efeitos sobre as estimativas de componentes de (co)variâncias para a característica PD, obtidas a partir de análise unicaráter sob modelo animal.

Efeitos ¹	S_a^2	S_{am}	S_m^2	S_{ap}^2
C	*	**	**	ns
R	**	**	**	ns
A	ns	**	ns	ns
R^2	0,53	0,68	0,27	0,009

¹C=correlação genética direta-maternal; R=razão entre variâncias genéticas direta e maternal; A=ano; * = $p < 0,05$; ** = $p < 0,01$; ns = não significativo; Coeficiente de determinação do modelo, $R^2 = 1 - (SQ_{residual} / SQ_{total})$. S_a^2 = variância genética aditiva direta; S_{am} = covariância genética direta-maternal; S_m^2 = variância genética aditiva maternal; S_{ap}^2 = variância do efeito de ambiente permanente maternal.

O comportamento das variâncias genéticas apresentou-se como função da correlação e razão entre as variâncias genéticas direta e maternal. Em se tratando da variância genética do efeito direto para PD, observou-se comportamento distinto entre os diferentes valores da correlação genética entre os efeitos direto e maternal, com menores vieses quando o valor da correlação foi negativo. Resultados similares foram reportados por HEYDARPOUR et al. (2008). No presente trabalho foi verificado que a mesma apresentou comportamento diretamente proporcional à razão entre as variâncias direta e maternal, apresentando diferenças nas estimativas, o que contribuiu na precisão e acurácia das estimativas de variância genética aditiva direta, onde estimativas mais precisas foram obtidas quando a variância direta foi menor que a maternal, corroborando com os resultados de OLIVEIRA (2006). O ano não influenciou nas estimativas de variância genética aditiva direta observando-se que ao longo dos

anos houve pequena redução nas estimativas. OLIVEIRA (2006) observou que a trajetória da variância genética do efeito direto de PD não apresentou diferenças por influência dos níveis de estrutura, valor de correlação ou de suas interações. As estimativas de variância genética aditiva maternal foram fortemente influenciadas pela magnitude da correlação genética direta-maternal, verificando-se maior precisão quando o sinal da correlação foi positivo e a variância genética verdadeira maternal foi superior a direta. A acurácia das estimativas foi dependente da magnitude da correlação genética direta-maternal, observando-se sub e superestimativas conforme a mesma considerada positiva ou negativa, respectivamente. Nas estimativas de variância genética direta e maternal foram verificadas que com a evolução do ano houve pequenas reduções nas estimativas de variância genética maternal, o que proporcionou uma precisão maior das estimativas. As estimativas de covariância genética direta-maternal foram influenciadas pelo valor da correlação entre os efeitos genéticos direto e maternal, bem como pela razão entre as variâncias genéticas direta e maternal e o ano. De maneira geral, foi constatada precisão e acurácia das estimativas de covariâncias genéticas à medida que os anos se distanciaram. No presente trabalho, o ano influenciou significativamente as estimativas de covariâncias genéticas direta-maternal, verificando-se menores vieses quando a correlação foi negativa e variância genética maternal verdadeira foi maior que a direta. Quando a correlação genética entre os efeitos direto e maternal foi igual a zero, verificou-se que os vieses foram decrescendo à medida que o ano aumentava e quando a razão entre as variâncias genéticas direta e maternal eram iguais ou a maternal superior à direta. Fato interessante, é que não observado redução nas estimativas de covariância genética direta-maternal ao longo dos anos, sendo apenas verificado que o mesmo proporcionou melhor acurácia e precisão das estimativas, denotando-se não existência de heterogeneidade de covariância. Nenhum dos efeitos (C, R e A) influenciou nas estimativas de variância de ambiente permanente maternal.

CONCLUSÕES

O comportamento das estimativas dos componentes de (co)variâncias para característica peso a desmama foi afetado pela estrutura dos dados. Os resultados negativos frequentemente observados na literatura para covariância genética direta-maternal, podem ser uma consequência de uma estrutura de dados deficiente, onde informações genealógicas pelo lado maternal sejam fracas, assim seria conveniente nas análises o aprimoramento das informações genealógicas principalmente relacionados ao lado materno.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BIJMA P (2006) Estimating maternal genetic effects in livestock. *J Anim Sci* 84:800-806.
- BOLDMAN KG, KRIESE LA, VAN VLECK LD et al. (1995) A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]. Lincoln: **Department of Agriculture/Agriculture Research Service**, 115p.
- CLEMENT V, BIBÉ B, VERRIER E, ELSEN JM, MANFREDI E, BOUIX J and HANOCQ E (2001) Simulation analysis to test the influence of model adequacy and data structure of genetic parameters for traits with direct and maternal effects.

Genet Sel Evol 33:369-395.

GERSTMAYR S (1992) Impact of the data structure on the reliability of the estimated genetic parameters in an animal model with maternal effects. **J Anim Breed Genet** 109:321-326.

HEYDARPOUR M, SCHAEFFER LR AND YAZDI H (2008) Influence of population structure on estimates of direct and maternal parameters. **J Anim Breed Genet** 125:89-99.

MANIATIS N AND POLLOT GE (2003) The impact of data structure on genetic (co)variance components of early growth in sheep, estimated using an animal model with maternal effects. **J Anim Sci** 81:101-108.

MEYER K (1992a) Bias and sampling covariances of estimates of variance components due to maternal effects. **Genet Sel Evol** 24:487-509.

ROEHE R and KENNEDY BW (1993) The influence of maternal effects on accuracy of evaluation of litter size in swine. **J Anim Sci** 71:2353-2364.

SAS (2002) Statistical Analysis System. User's guide. Version 8.2. 8 ed. Cary: 956p.

WILLHAM RL (1963) The covariance between relatives for characters composed of components contributed by related individuals. **Biometrics** 19(1):18-27.

WILLHAM RL (1980) Problems in estimating maternal effects. **Liv Prod Sci** 7:405-418.