

CONEXIDADE EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO

V.M. Roso^{1,2}, F.S. Schenkel², e S.P. Miller²

¹GenSys Consultores Associados S/C Ltda, Rua Guilherme Alves 170/304, Porto Alegre-RS, CEP 90680-000

²CGIL, Department of Animal & Poultry Science, University of Guelph, Guelph, Ontário, Canada, N1G 2W1

Introdução

Os programas de melhoramento genético atuais, de um modo geral, utilizam metodologias de avaliação genética (BLUP) que permitem a comparação das estimativas dos valores genéticos (VGs ou DEPs) de animais em diferentes ambientes (grupos contemporâneos, GCs), tanto dentro quanto entre fazendas. Entretanto, a acurácia das comparações depende do grau de conexão genética entre os GCs. Com poucas ligações genéticas entre GCs, a acurácia das comparações é menor, o que pode comprometer os ganhos genéticos. Nas avaliações genéticas através do modelo animal, as conexões entre GCs ocorrem através do parentesco aditivo entre os animais. Neste caso, a medida mais apropriada de conexão é o PEVd, definido como sendo a variância do erro de predição da diferença entre as estimativas de VG de animais testados em diferentes GCs (Kennedy and Trus, 1993). Esta estatística, entretanto, é computacionalmente muito exigente, não sendo viável a sua aplicação rotineira nas avaliações genéticas. Assim, Kennedy and Trus (1993) propuseram o uso da variância das estimativas da diferença entre GCs (EEVd) que, nas suas simulações, mostrou-se altamente correlacionada com o PEVd. Mathur et al. (1999) também argumentaram que a EEVd poderia ser usada como medida do nível de conexão entre GCs e propuseram o cálculo da correlação entre as estimativas dos efeitos dos GCs (para GCs i e j , $CR_{ij} = Cov(\hat{G}_i, \hat{G}_j) / \sqrt{Var(\hat{G}_i) * Var(\hat{G}_j)}$), que seria menos dependente do tamanho e estrutura dos GCs. Embora os autores tenham usado um procedimento iterativo, o esforço computacional para calcular a CR é também elevado, limitando sua aplicação. Fries (1998) propôs, como método para avaliar a conexão, o número de laços genéticos totais entre GCs (LGt) devido ao uso comum de touros e vacas. O objetivo deste trabalho foi comparar os métodos CR e LGt na avaliação do nível de conexão entre GCs em estações de teste de tourinhos jovens da província de Ontário, Canadá.

Material e Métodos

Foram utilizados dados de ganho de peso (GP, em kg) durante o período de teste (140 dias) de 26.068 tourinhos. O número total de animais na análise, incluindo as informações de pedigree, foi de 58.825. Os procedimentos para obtenção do GP, bem como o modelo de avaliação genética, foram aqueles utilizados nas avaliações genéticas da Beef Improvement

Ontário (BIO). Utilizou-se o modelo: $GP_{ijk} = \sum_{k=1}^{14} b_k r_{ik} + gc_j + a_i + e_{ijk}$, onde GP_{ijk} é o ganho

de peso estimado do i^{th} animal; b_k é o coeficiente de regressão linear na composição racial dentro de raça; r_{ik} é a composição racial do i^{th} tourinho da k^{th} raça; gc_j é o efeito fixo do j^{th} grupo contemporâneo ($j = 1$ a 583); a_i é o efeito genético aditivo do i^{th} tourinho e e_{ijk} é o efeito residual. O PEVd foi considerado como padrão para medir as conexões genéticas entre os GCs e os métodos alternativos CR e LGt foram comparados com esta estatística.

Resultados e Discussão

As médias do PEVd, CR, LGt, número de tourinhos e número de touros-pais por GC foram 1583 ± 41 , $1,21 \pm 0,51$, 702 ± 690 , 44 ± 36 e 23 ± 21 , respectivamente. A maioria dos laços genéticos entre GCs ocorreu devido ao uso comum de touros (94,5%). O PEVd apresentou relação curvilínea com a CR e com o LGt (Figura 1). A correlação entre CR e LGt foi de 86%. O PEVd médio de cada GC foi modelado usando-se dois modelos: (1) regressão polinomial quadrática-quadrática na CR e regressão quadrática no número de touros-pais (T) e na relação número de tourinhos/touro-pai (N/T). Todos os efeitos foram significativos ($P < 0,01$). O R^2 do modelo foi igual a 0,82 e a CR explicou 73% da variação total do PEVd. (2) regressão polinomial quadrática-quadrática-quadrática no LGt, regressão linear no T e regressão quadrática na relação N/T. Todos os efeitos foram significativos ($P < 0,01$). O R^2 foi de 0,81 e o LGt explicou 76% da variação total do PEVd. Os valores estimados do PEVd em função da CR e do LGt indicaram que CRs menores do que um e LGt menores do que 400 estavam associados com um rápido incremento no PEVd. Nos dados analisados, com base no LGt, apenas um GC foi considerado desconectado. Assim, para avaliar o efeito da ausência completa de conexões entre GCs, 36 GCs tiveram as identificações dos touros e das vacas modificadas para gerar grupos completamente desconectados. De acordo com os resultados, o aumento no tamanho dos GCs desconectados reduziu assintoticamente o PEVd de 1950, quando os GCs tinham apenas 6 tourinhos, para 1850, quando os GCs tinham 120 tourinhos. Portanto, GCs conectados com PEVd igual ou superior a 1850 tiveram comportamento similar a GCs completamente desconectados. A acurácia na comparação entre os VGs de tourinhos em GCs desconectados aumentou somente com o tamanho dos grupos, pois não havia parentesco entre os animais dentro dos GCs simulados. Embora nos GCs desconectados o LGt seja zero, a CR variou de 0,27 a 2,10, ou seja, GCs completamente desconectados apresentaram larga amplitude de valores de CR. Portanto, com base na CR, não é possível diferenciar GCs conectados de GCs completamente desconectados, pois grandes GCs desconectados apresentaram CRs similares a GCs conectados. O LGt, além de ser computacionalmente menos exigente, apresentou menor dependência no tamanho dos GCs do que a CR (correlação 0,81 vs 0,95), favorecendo menos os maiores GCs, pois GCs pequenos podiam ter elevado LGt e, coseqüentemente, menores PEVd médios.

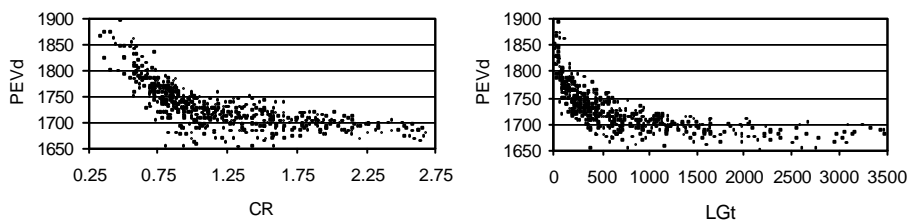


Figura 1. Relação observada entre PEVd e CR (esquerda) e entre PEVd e LGt (direita)

Conclusões

Animais em diferentes GCs somente podem ser comparados se os GCs forem conectados ou quando é possível assumir que não existe diferença genética entre a média dos GCs, mesmo que a acurácia dentro dos grupos seja alta. Para assegurar que os VGs (ou DEPs) de animais testados em diferentes GCs possam ser comparados sem excessivo risco, uma medida do nível de conexão genética entre os GCs poderia ser obtida previamente as avaliações genéticas, através do LGt. Além disso, é importante desenvolver recomendações para garantir um nível mínimo de conexão entre os GCs. Algumas empresas, tais como a Canadian Centre for Swine Improvement (Ottawa-ON, Canadá) e a GenSys Consultores Associados S/C Ltda (Porto Alegre-RS, Brasil), vem adotando esta estratégia em seus programas de melhoramento genético.

Referências Bibliográficas

- Fries, L.A. (1998) Proc. 6th Wld Congr. Gen. Appl. Livest. Prod. 27:449-500.
Kennedy, K. W. and Trus, D. (1993). Anim. Sci. 71: 2341-2352.
Mathur, P.K., Sullivan, B. and Chesnais, J. (1999). Estimation of the degree of connectedness between herds or management groups in the Canadian swine population. Canadian Centre for Swine Improvement, Ottawa, Canadá. (Mimeo)