

QUADRADOS MÍNIMOS E MODELO MISTO PARA DEMONSTRAR A RESPOSTA À SELEÇÃO EM NELORE

**Maria Eugênia Z. Mercadante^{1,3}, Irineu U. Packer^{2,4}, Alexander G. Razook^{1,4},
Joslaine N. S. G. Cyrillo^{1,5}, Leopoldo A. Figueiredo¹**

^{1,3} Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho, C.P. 63 - Cep:14.160-000 -

Sertãozinho-SP, mezmerca@ig.com.br, sertaozinho@izsp.br,

² ESALQ, Piracicaba-SP

³ Bolsista de Doutorado do CNPq;

⁴ Bolsista de Produtividade do CNPq; ⁵ Bolsista de Doutorado da CAPES

Introdução

Na análise de experimentos de seleção com grandes animais, uma complicação na estimação da resposta à seleção é a distinção entre mudança genética e ambiental. Outro problema é a variância considerável da resposta genética por geração (ou ano) devido à deriva genética, uma vez que a seleção artificial envolve a escolha de um pequeno número de pais para formar a próxima geração (Falconer & Mackay, 1996; Walsh, 1999). Em um experimento sem sobreposição de gerações, a mudança genética pode ser estimada usando-se procedimentos de quadrados mínimos (média das progênies dos pais selecionados) e os efeitos ambientais estimados pelo uso de população controle não selecionada. Em contraste com estimador de modelo misto, o de quadrados mínimos não une gerações ou anos, e utiliza somente os registros de uma geração, em particular, para computar a mudança genética nesta geração (Walsh, 1999). O modelo animal incorpora a matriz de relações genético-aditivas e as covariâncias entre indivíduos de uma mesma geração e de gerações diferentes, leva em conta o fato de que algumas famílias fornecem mais informações, pondera os indivíduos destas famílias, usando registros da geração corrente e de todas as outras, contornando, assim, os problemas que contribuem para a variância da resposta (Sorensen & Kennedy, 1983; 1986). A omissão do relacionamento entre gerações tem implicações importantes na análise de dados gerados por seleção. Experimentos de seleção são processos estocásticos e o desempenho em uma dada geração é dependente da amostra genética retida na geração anterior (Hill, 1972). O objetivo deste trabalho foi ilustrar a incorporação do parentesco e de registros de desempenho no acesso à mudança genética, utilizando registros do carácter sob seleção direta em 3 rebanhos experimentais de bovinos Nelore.

Material e Métodos

As informações utilizadas neste trabalho são provenientes do Experimento de Seleção da Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho-SP, iniciado em 1976. O estabelecimento dos rebanhos Nelore Controle (NeC), Nelore Seleção (NeS) e Nelore Tradicional (NeT) ocorreu na estação de monta de 1980, com respectivamente 60, 120 e 170 fêmeas e 4, 6 e até 8 touros/ano. Os machos foram selecionados, dentro de rebanho x ano, segundo diferencial de seleção máximo (NeS e NeT) e nulo (NeC) do peso padronizado aos 378 dias (P378), obtido após prova em confinamento. A seleção das fêmeas foi feita segundo o diferencial de seleção máximo (NeS e NeT) e nulo (NeC) do peso padronizado aos 550 dias (P550), em regime de pasto. Numa abordagem de quadrados mínimos, a mudança genética nas fêmeas pode ser obtida a partir das médias de P550 dos

rebanhos selecionados, dentro de rebanho x ano, como desvio de NeC. Numa abordagem de modelo animal, P550 pode ser analisado considerando-se somente os registros das fêmeas ou, de outro modo, P550 (fêmeas) e P378 (machos) como um só (peso à seleção, PS), ignorando-se a diferença entre os caracteres e a mudança genética nas fêmeas obtida pelas médias dos valores genéticos ao longo dos anos. As médias de quadrados mínimos foram obtidas pela aplicação do procedimento GLM do SAS (2000), ajustando-se os efeitos fixos de rebanho, ano e mês de nascimento e idade da mãe. Os valores genéticos foram obtidos pelo programa MTDFREML, envolvendo-se, na análise, a matriz de parentesco de 5.830 animais (considerando-se animais-base os pais da progênie do ano 1978). Para P550, o modelo fixo foi como o descrito acima, incluindo-se, ainda, os efeitos aleatórios genético direto do animal, permanente da mãe e residual. O modelo para PS foi o mesmo que para P550, incluindo-se, ainda, os efeitos de sexo e as interações rebanho x ano, rebanho x sexo e ano x sexo.

Resultados

Na Figura 1A estão plotadas as médias anuais ajustadas de P550, como desvio da população controle, representando a mudança genética nas fêmeas em NeS e NeT, estimadas por quadrados mínimos. Na Figura 1B encontram-se os valores genéticos médios de P550, representando a mudança genética nas fêmeas dos três rebanhos, estimados por modelo misto, sem incluir os registros dos machos. Finalmente, na Figura 2, descreve-se a mudança incorporando todas as informações disponíveis. É possível observar que conforme as informações da população vão sendo incorporadas na análise (em ordem crescente, Figuras 1A, 1B e 2), menores são as flutuações anuais. O uso da matriz de parentesco tem o efeito de comparar o registro do animal com um índice baseado nas informações de seus parentes e os valores genéticos individuais são regredidos em direção aos valores preditos pelo índice, suavizando flutuações excessivas (Walsh, 1999). Devido a esta propriedade, a resposta estimada por modelo misto tende a ser mais suave que a resposta observada ou aquela estimada por quadrados mínimos, pois é menos afetada pelos verdadeiros desvios de amostragem (Sorensen & Kennedy, 1986).

Conclu. A

A partir da análise dos dados experimentais do Experimento de Seleção conduzido em Sertãozinho-SP, verificou-se que a resposta à seleção, estimada por modelo misto, tende a apresentar uma tendência no tempo mais suave que a resposta observada ou aquela estimada por quadrados mínimos, pois é menos afetada pelos desvios de amostragem.

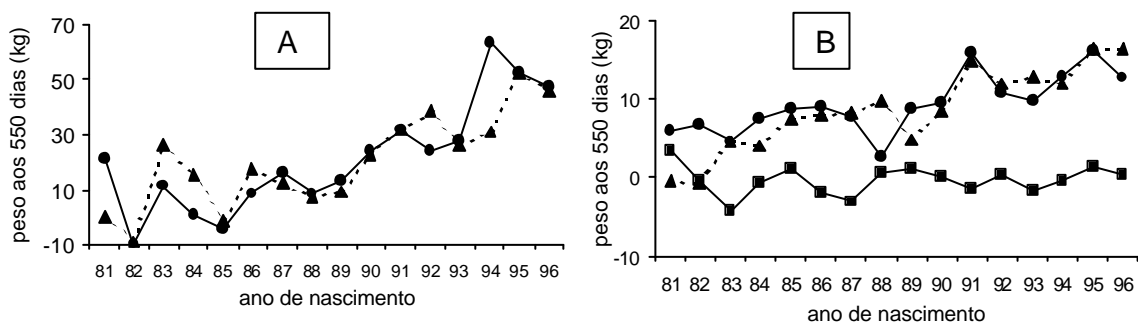


Figura 1. A) Médias ajustadas de P550 das fêmeas dos 2 rebanhos selecionados como desvio do controle. B) Valores genéticos médios de P550 das fêmeas dos 3 rebanhos (NeC ■, NeS ● e NeT ▲).

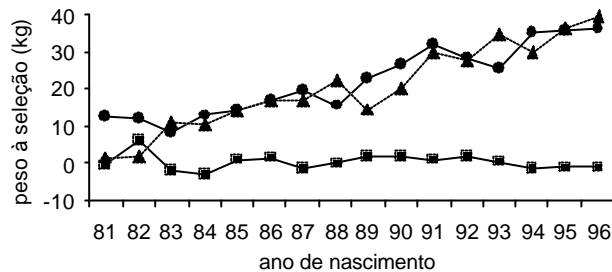


Figura 2. Valores genéticos médios para PS das fêmeas dos 3 rebanhos (NeC ■, NeS ● e NeT ▲).

Referências Bibliográficas

- Falconer, D.S.; Mackay, T.F.C. *Introduction to quantitative genetics*. Essex: Longman, 1996. 464p.
- Hill, W.G. 1972. Estimation of genetic change. I. General theory and design of control populations. *Animal Breeding Abstracts*, 40: 1-15.
- SAS Institute 2000. *SAS/INSIGHT User's Guide*. versão 8.2, versão para Windows Cary, NC, USA.
- Sorensen, D.A.; Kennedy, B.W. Analysis of selection experiments using mixed model methodology. *Journal of Animal Science*, v.63, p.245-258, 1986.
- Sorensen, D.A.; Kennedy, B.W. 1983. The use of the relationship matrix to account for genetic drift variance in the analysis of genetic experiments. *Theoretical and Applied Genetic*, 66: 217-220.
- Walsh, J.B. *Mixed-model and bayesian analysis of short-term selection experiments*. http://biosci.arizona.edu/zbook/volume_2/chapters/vol2_07.html. 1999.