

INFLUÊNCIA DA HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIA NA CLASSIFICAÇÃO DE AVES UTILIZANDO DADOS SIMULADOS

ANGELA BEATRIZ FRIDRICH^{1*}, MARTINHO DE ALMEIDA E SILVA^{2*}, RICARDO VIEIRA VENTURA³, GERUSA DA SILVA SALLES CORRÊA^{1*}, ISABEL CRISTINA FERREIRA^{1*}, JOSÉ ERNANDES RUFINO¹, RICARDO FREDERICO EUCLYDES⁴, BRUNO DOURADO VALENTE⁵, GUILHERME LANNA REIS⁵

* Bolsistas CNPq

¹ Doutorandos em Ciência Animal - Escola de Veterinária/UFMG, Escola de Veterinária da UFMG, Caixa Postal. 567, 30123-970 Belo Horizonte, MG

² Professor adjunto - Escola de Veterinária/UFMG

³ Mestrando em zootecnia, área melhoramento animal - Escola de Veterinária/UFMG

⁴ Professor adjunto - UFV

⁵ Aluno de graduação- Escola de Veterinária-UFMG

RESUMO - Objetivou-se verificar a influência da heterogeneidade de variância na classificação de aves para o peso aos 45 dias de idade, utilizando dados simulados. Os valores genéticos foram preditos pelo método de Máxima Verossimilhança Restrita utilizando o programa MTDFREML. Foram obtidas as correlações de Spearman e Pearson entre os valores genéticos preditos e simulados e as percentagens de indivíduos em comum dos valores preditos e simulados para 2, 4 e 8% dos machos e 8, 12 e 16% das fêmeas geneticamente superiores. A heterogeneidade de variância causou grande mudança na ordem de classificação das aves, tanto para machos quanto fêmeas.

PALAVRAS-CHAVE: Ave, correlação, heterogeneidade de variância

EFFECT OF HETEROGENEITY OF VARIANCE ON RANK OF POULTRY UTILIZING SIMULATED DATA

ABSTRACT - The objective of this work was to study the effect of heterogeneity of variance on ranking of poultry in simulated data. The breeding values were predicted by Restricted Maximum Likelihood methodology. Spearman and Pearson correlations between predicted and simulated breeding values and the percentages of poultry in common between predicted and simulated breeding value for the best 2, 4 and 8 % males and 8, 12 and 16% females were calculated. The ranking of poultry was strongly affected by heterogeneity of variance.

KEYWORDS: Correlation, heterogeneity of variance, poultry

INTRODUÇÃO

A heterogeneidade de variância pode ser de origem genética, fenotípica ou qualquer combinação desses componentes. Ela foi relatada em muitos trabalhos, sendo a grande maioria em bovinos de leite e de corte (Torres, 1998; Campelo, 2003; Carneiro, 2003).

A seleção é um dos métodos de melhoramento que permite obter o progresso genético. Portanto, as diferenças nas médias de produção e nas variâncias entre rebanhos podem ser determinadas por processos diferenciados de seleção e de manejo.

O objetivo do trabalho foi verificar a influência da heterogeneidade de variância na classificação das aves para a reprodução.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados foram simulados utilizando-se o sistema computacional Genesys (Euclides, 1996). Foi simulado um genoma de 2.000 centimorgans de comprimento, para a característica peso aos 45 dias de idade (P45) com alta herdabilidade ($h^2=0,41$), cuja expressão foi determinada por 200 locos com 2 alelos por locos.

Os locos foram distribuídos ao acaso em 15 pares de cromossomos autossômicos de tamanhos aleatórios. Os alelos possuíam apenas efeitos aditivos, sendo desconsiderados os desvios de dominância e epistasia. Foram simulados, além do efeito de sexo, o efeito de ambiente relativo a cada um dos 10 planteis, durante 10 gerações.

Foram simulados os genomas de 10.000 aves sendo 5.024 fêmeas e 4.976 machos em três arquivos diferentes com mesma estrutura. O primeiro arquivo apresentou locais diferentes e variâncias iguais, o segundo e o terceiro apresentaram locais e variâncias diferentes. Um quarto

arquivo foi formado com a união dos três arquivos anteriores, com a finalidade de analisar o comportamento da classificação das aves na presença da heterogeneidade de variância.

Os valores genéticos dos animais foram preditos utilizando-se o programa MTDFREML ("Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood"), descrito por Boldman et al. (1995), que aplica o método de máxima verossimilhança restrita, com algoritmos livres de derivadas, sob modelo animal, com inclusão na matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright. Este programa utiliza o SPARSPAK (George et al. , 1980), que permite aumentar a capacidade de trabalho dos computadores.

O modelo estatístico utilizado foi o seguinte:

$$Y = X\beta + Zu + e;$$

em que,

Y = vetor de observações de características medidas nos indivíduos;

X, Z = matrizes de incidência dos efeitos fixos e aleatórios;

b = vetor de efeitos fixos incluindo geração, sexo e plantel;

u = vetor dos efeitos aleatórios de valores genéticos aditivos diretos do animal;

e_i = vetor dos erros aleatórios associados a cada observação.

Calcularam-se também as correlações de Spearman (correlação de ordem) e de Pearson entre os valores genéticos preditos e simulados. Para verificar o efeito da heterogeneidade sobre a seleção de 2%, 4% e 8% dos machos e 8%, 12% e 16% das fêmeas geneticamente superiores foram calculadas as percentagens de indivíduos em comum dos valores genéticos preditos e simulados.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 1 encontram-se as estimativas de correlações de Pearson e Spearman entre os valores genéticos simulados e preditos.

As correlações de Pearson e Spearman obtidas foram semelhantes entre machos e fêmeas para os arquivos 1 (locais diferentes e variâncias iguais) e 2 (locais e variâncias diferentes), sendo os maiores valores encontrados no arquivo 3 (locais e variâncias diferentes). Os valores mais baixos das correlações de Spearman foram obtidos pelo arquivo geral (0,43 para macho e 0,42 para fêmeas), indicando que os animais não seriam classificados de forma similar. Em razão dos baixos valores das correlações (0,42-0,73), a seleção dos melhores animais, desconsiderando-se a heterogeneidade de variância, poderia causar maior redução no progresso genético. Valores de correlação maior foi relatado por Torres (1998) em estudos com dados de bovinos da raça Holandesa e Campelo et al. (2003) em estudos com dados de bovinos Tabapuã.

Para verificar o efeito da heterogeneidade de variância sobre a seleção das aves, calculou-se a percentagem de animais em comum entre dois grupos de classificação para 2, 4 e 8% dos melhores machos e 8, 12 e 16% das melhores fêmeas (Tabela 2). No primeiro grupo tanto os machos quanto as fêmeas foram classificados com base nos seus valores genéticos preditos (VGP) e o segundo grupo com base nos valores genéticos simulados (VGS).

Comparando-se VGS e VGP nos diversos arquivos, obtiveram-se as percentagens de animais em comum nos dois grupos de classificação, que, de um modo geral foram baixas, exceto para seleção de 18% de fêmeas que apresentou maior percentagem de indivíduos em comum.

Para 2, 4 e 8% de seleção dos melhores machos, nos diversos arquivos, as percentagens de animais em comum nos dois grupos foram, respectivamente, 12,00, 28,00 e 39,50% (arquivo 1-locais diferentes e variâncias iguais), 14,00, 21,50 e 30,75 (arquivo 2- locais e variâncias diferentes), 18,00, 27,50 e 34,75% (arquivo 3-locais e variâncias diferentes) e 1,00, 3,50 e 6,50 (arquivo geral) e para 8, 12 e 16% de seleção das melhores fêmeas, nos diversos arquivos, as percentagens de animais em comum nos dois grupos foram, respectivamente, 37,75, 46,33 e 51,25% (arquivo 1- locais diferentes e variâncias iguais), 34,50, 41,67 e 46,50% (arquivo 2- locais e variâncias diferentes), 36,25, 45,83 e 51,00% (arquivo 3- locais e variâncias diferentes) e 6,75, 9,00 e 12,50 (arquivo geral). Esses resultados indicam que quanto maior a heterogeneidade de variância entre planteis menor é a percentagem de indivíduos corretamente identificados pela avaliação genética, comprometendo o progresso genético. Campelo et al (2003) e Carneiro (2003), trabalhando com reprodutores da raça



Tabapuã e com dados similares, respectivamente, não encontraram efeito da heterogeneidade de variância sobre a classificação dos animais.

CONCLUSÕES

A heterogeneidade de variância causou grande mudança na ordem de classificação das aves, tanto para machos quanto fêmeas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- 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 variance and covariance. Lincoln : Agricultural Research Service, 1995. 120 p. (DRAFT).
- CAMPELO, J.E.G.; LOPES, P.S.; TORRES, R.A. et al. **Influência da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da raça Tabapuã**. Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia, v.55, n.6, p. 685-693, 2003.
- CARNEIRO, A. P. S. **Avaliação genética na presença de heterogeneidade entre rebanhos, utilizando dados simulados**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2003. 75p. Tese (Doutorado em Zootecnia)- Universidade Federal de Viçosa, 2003.
- EUCLYDES, R.F. **Uso do sistema para simulação Genesys na avaliação de métodos de seleção clássicos e associados a marcadores moleculares**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1996. 149p. Tese (Doutorado em genética e melhoramento)- Universidade Federal de Viçosa, 2003.
- TORRES, R.A. **Efeito da heterogeneidade de variância e avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil**. Belo Horizonte, MG: UFMG, 1998. 124p. Tese (Doutorado em Ciência Animal) - Universidade Federal de Minas Gerais, 1998.

TABELA 1. Estimativas de correlação entre os valores genéticos simulados e preditos para o peso, aos 45 dias de idade de aves na presença de heterogeneidade de variância

Arquivos	Pearson		Spearman	
	Macho	Fêmea	Macho	Fêmea
Arquivo 1	0,66	0,66	0,65	0,66
Arquivo 2	0,62	0,64	0,62	0,63
Arquivo 3	0,72	0,72	0,73	0,72
Arquivo geral	0,40	0,41	0,42	0,43

TABELA 2. Percentagem dos indivíduos em comum entre os grupos de classificação dos 2, 4 e 8% melhores machos e 8, 12 e 16% melhores fêmeas com base no valor genético simulado e predito na presença de heterogeneidade de variância

Arquivos	Fêmeas			Machos		
	8%	12%	16%	2%	4%	8%
Arquivo 1	37,75	46,33	51,25	12,00	28,00	39,50
Arquivo 2	34,50	41,67	46,50	14,00	21,50	30,75
Arquivo 3	36,25	45,83	51,00	18,00	27,50	34,75
Arquivo geral	6,75	9,00	12,5	1,00	3,50	6,50