

## VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

*Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA*

### **Análise uni ou multicaracterística?**

Roberto Carneiro<sup>1</sup>, Vanerlei Mozaquatro Roso<sup>1</sup>

<sup>1</sup>GenSys Consultores Associados, S/S Ltda. e-mail: [r.carvalho@gensys.com.br](mailto:r.carvalho@gensys.com.br); [vanerleiros@gensys.com.br](mailto:vanerleiros@gensys.com.br).

**Resumo:** Um conjunto de dados de bovinos de corte com evidência da existência de diferenças na taxa de maturação dos animais foi utilizado para comparar os resultados de análises uni e multicaracterística, na presença de seleção sequencial. Indícios foram observados de que análises multicaracterística forneceriam DEPs viesadas na presença combinada de seleção sequencial e de variabilidade genética na taxa de maturação.

**Palavras-chave:** componentes principais, seleção sequencial, taxa de maturação, viés

### **Single or multiple trait model?**

**Abstract:** A beef cattle dataset was used to compare single and multiple trait models, under the combined effects of sequential selection and the presence of genetic differences in the rate of maturation of animals. Evidences were observed that multiple trait models would provide biased EPDs under this circumstance.

**Keywords:** bias, principal components, rate of maturation, sequential selection

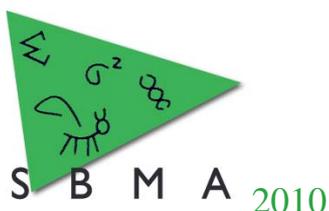
### **Introdução**

Em programas de melhoramento genético, índices compostos por DEPs de diferentes características são utilizados como critérios de seleção dos animais. Estas DEPs podem ser calculadas em análises unicaracterística ou multicaracterística (mais de uma característica considerada simultaneamente). De acordo com Schaeffer (2003), as análises multicaracterísticas são úteis, no sentido de fornecerem DEPs mais acuradas, quando: i) as diferenças entre as correlações genética e residual são grandes; ii) uma característica possui herdabilidade bem maior do que a outra (neste caso a característica com baixa herdabilidade seria mais beneficiada); iii) os animais apresentam informações para determinadas características, mas para outras não – como, por exemplo, nos casos de característica observada em apenas um dos sexos (ex.: perímetro escrotal) e de seleção sequencial (ex.: medidas de sobreano em bovinos de corte). Entretanto, esta possível superioridade da análise multicaracterística está condicionada a qualidade das estimativas de correlações utilizadas.

Cardoso et al. (2003), em análise de componentes principais, observaram que uma expressiva parte da variabilidade genética (%) em dados de bovinos de corte foi explicada por um componente que discriminou os animais em 2 grupos: um com DEPs superiores para características de desmame e outro com DEPs superiores para características de sobreano. Os autores especularam que a forte pressão exercida ao desmame (seleção sequencial) poderia ter contribuído em parte para este resultado. Carneiro e Cavalcanti (2008) observaram resultado semelhante para um conjunto de dados sem efeito de seleção sequencial, e sugeriram que este componente principal que discrimina os animais quanto ao desempenho ao desmame e sobreano poderia ser utilizado na tentativa de contrastar animais com maior ou menor precocidade de crescimento ou taxa de maturação.

Pollak e Quaas (1981), em estudo de simulação, concluíram que o uso da análise multicaracterística incorporando todos os dados de desmame, onde os animais sofreram seleção direta, eliminou o viés da avaliação de características subsequentes. A possibilidade dos animais apresentarem taxas de maturação distintas não foi contemplada neste estudo.

Objetivou-se com o presente trabalho comparar análises uni e multicaracterística, relacionando-as com os resultados de uma análise de componentes principais, para investigar o efeito da seleção sequencial na predição das DEPs, em um conjunto de dados de bovinos de corte com evidência da existência de diferenças na taxa de maturação dos animais.



## VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

*Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA*

### Material e Métodos

Foram utilizados dados de 2.523 animais da raça Nelore, nascidos nos anos de 2002 a 2007, pertencentes a uma única fazenda. As seguintes características foram consideradas: ganho de peso do nascimento ao desmame (GND), conformação (Cd), precocidade de acabamento (Pd) e musculatura (Md) ao desmame, ganho de peso do desmame ao sobreano (GPD), conformação (Cs), precocidade de acabamento (Ps), musculatura (Ms) e perímetro escrotal (PE) ao sobreano. Os animais avaliados ao desmame também foram avaliados ao sobreano, não havendo, no conjunto original de dados, efeito da seleção sequencial. Análises estatísticas foram conduzidas conforme 4 etapas distintas.

*Etapa 1:* análises unicaracterística. Os modelos utilizados para as características de desmame (GND, Cd, Pd e Md) incluíram os efeitos genéticos aditivos direto e materno, além do resíduo, como aleatórios, e os efeitos fixos de grupo contemporâneo (GC) e linear e quadrático da idade da mãe ao parto e da idade do animal ao desmame. Por problemas de estimabilidade, o efeito materno foi assumido como nulo. Para as características de sobreano (GPD, Cs, Ps, Ms e PE), os modelos incluíram os efeitos genético aditivo direto e resíduo como aleatórios, e os efeitos fixos de GC e linear e quadrático da idade do animal ao sobreano. Os parâmetros de interesse foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita, utilizado-se o software MTDFREML (Boldman et al., 1995).

DEPs estandarizadas (sDEP) foram calculadas para a obtenção dos índices de desmame (Idesm) e final (Ifinal1), conforme as equações:

$$\text{Idesm} = 4 * \text{sDEP\_GND} + 2 * (\text{sDEP\_Cd} + \text{sDEP\_Pd} + \text{sDEP\_Md});$$

$$\text{Ifinal1} = (\text{Idesm}/2 + 4 * \text{sDEP\_GPD} + \text{sDEP\_Cs} + \text{sDEP\_Ps} + \text{sDEP\_Ms} + 2 * \text{sDEP\_PE}) * (10/14).$$

*Etapa 2:* análise de componentes principais considerando as DEPs obtidas na etapa anterior.

*Etapa 3:* análises unicaracterística de GPD, Cs, Ps, Ms e PE, utilizando o mesmo modelo da etapa 1 e um conjunto de dados simulando a perda de informações. Os 50% bezerras inferiores e as 20% bezerras inferiores (para o Idesm), dentro de cada safra, tiveram as suas informações de sobreano deletadas, para que o efeito da seleção sequencial fosse investigado. Um novo índice final (Ifinal2) foi calculado utilizando as DEPs das características de sobreano desta etapa, com as mesmas ponderações do Ifinal1.

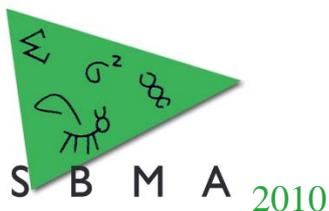
*Etapa 4:* análises bicaracterística para GND e GPD, GND e PE, Cd e Cs, Pd e Ps, Md e Ms, com modelos similares aos descritos na etapa 1, mas na versão multicaracterística, e com o conjunto de dados utilizado na etapa 3 (com informações de sobreano “perdidas”). Assim como na etapa anterior, um novo índice final (Ifinal3) foi obtido utilizando as DEPs resultantes das análises desta etapa.

### Resultados e Discussão

Conforme resultados na Tabela 1, os três primeiros componentes principais (CP) foram responsáveis por 69,5% da variação total existente no rebanho referente às DEPs das características estudadas. Os demais componentes não foram apresentados, pois explicaram isoladamente pouca parte da variação existente. O primeiro CP, explicando 36,2% da variação total, foi constituído por coeficientes médios positivos para todas as características, exceto PE, indicando que a maior parte da variabilidade genética existente no rebanho em estudo está relacionada ao desempenho médio geral. O segundo CP, explicando 17,8% da variação total, contrasta animais melhores para ganho de peso e conformação (“biotipo tardio”) versus melhores para precocidade de terminação e musculatura (“biotipo precoce”). O terceiro CP, explicando 15,5% da variação total, discrimina os animais com relação ao desempenho ao desmame versus sobreano, sendo este um indicativo da existência de variabilidade genética quanto à taxa de maturação dos animais.

Tabela 1 - Coeficientes relacionados às DEPs das 9 características estudadas e porcentagem da variação total explicada (%var) pelos 3 primeiros componentes principais.

CP	GND	Cd	Pd	Md	GPD	Cs	Ps	Ms	PE	%var
1°	0,36	0,36	0,42	0,45	0,21	0,20	0,35	0,38	0,05	<b>36,2</b>
2°	0,34	0,17	-0,34	-0,19	0,41	0,63	-0,35	-0,12	0,06	<b>17,8</b>
3°	-0,21	-0,42	-0,24	-0,28	0,45	0,07	0,46	0,48	0,04	<b>15,5</b>



## VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

*Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA*

Um CP semelhante ao terceiro CP não foi observado quando foram utilizadas DEPs de análises multicaracterísticas no banco de dados completo, sem dados perdidos (resultados não apresentados). A existência ou não de variabilidade genética na taxa de maturação poderia ser mais apropriadamente avaliada com a aplicação, por exemplo, de modelos longitudinais. Tais modelos não foram aplicados no presente estudo pois os animais tinham informação fenotípica apenas no desmame e sobreano.

Na Tabela 2, são relacionados os resultados da análise de componentes principais com os índices finais calculados com base nas DEPs resultantes das diferentes análises (uni e bicaracterística). Observa-se que os animais 10% superiores (deca 1) e 10% inferiores (deca 10) para o Ifinal1 apresentaram deca média do terceiro CP igual a 4,71 e 6,95, respectivamente. O mesmo contraste referente ao Ifinal3 evidencia que as análises bicaracterística tendem a sub ou superestimar as DEPs de sobreano (dependendo das DEPs de desmame) na presença de seleção sequencial e de (uma suposta) variabilidade na taxa de maturação. O Ifinal3 praticamente não conseguiu diferenciar os animais quanto ao terceiro CP. O Ifinal2 apresentou tendência semelhante ao Ifinal1 em discriminar os animais quanto ao segundo e terceiro CPs, embora tenha apresentado menor poder discriminatório quanto ao primeiro CP.

Tabela 2 - Deca média dos 3 primeiros componentes principais (CP), dos animais 10% superiores (deca 1) e 10% inferiores (deca 10) conforme o índice final calculado com as DEPs resultantes das diferentes análises<sup>a</sup>.

	deca média 1º CP			deca média 2º CP			deca média 3º CP		
	deca 1	deca 10	≠ <sup>b</sup>	deca 1	deca 10	≠	deca 1	deca 10	≠
<b>Ifinal1</b>	1,58	9,38	<b>7,80</b>	3,41	6,77	<b>3,36</b>	4,71	6,95	<b>2,24</b>
<b>Ifinal2</b>	1,71	8,49	<b>6,78</b>	3,33	6,81	<b>3,48</b>	4,70	6,99	<b>2,29</b>
<b>Ifinal3</b>	1,61	9,19	<b>7,58</b>	3,42	6,65	<b>3,23</b>	5,25	5,86	<b>0,61</b>

<sup>a</sup> Ifinal1: análises unicaracterística; conjunto completo de dados. Ifinal2: análises unicaracterística; dados de sobreano parcialmente “perdidos”. Ifinal3: análises bicaracterística; dados de sobreano parcialmente “perdidos”.

<sup>b</sup> (deca média CP dos animais deca 10 Ifinal) – (deca média CP dos animais deca 1 Ifinal).

Não é possível, com o presente trabalho, definir qual modelo seria mais apropriado para situações de seleção sequencial e variabilidade na taxa de maturação, pois os resultados das análises uni e multicaracterística com informação de sobreano “perdida” tiveram como base de comparação os resultados fornecidos pelas análises unicaracterística com informação completa. Estudos de simulação contemplando a possibilidade dos animais apresentarem diferenças genéticas quanto à taxa de maturação permitiriam uma comparação mais adequada, inclusive considerando diferentes critérios de comparação dos modelos.

### Conclusões

Evidências foram observadas de que análises multicaracterística forneceriam DEPs sub ou superestimadas na presença combinada de seleção sequencial e de variabilidade genética na taxa de maturação.

### Literatura citada

- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. et al. 1995. A manual for use for MTDFREML: a set of programs to obtain of variance and covariances. Lincoln: Department of Agriculture /ARS. 120p.
- CARDOSO, V.; ROSO, V.M.; SEVERO, J.L.P. et al. Formando lotes uniformes de reprodutores múltiplos e usando-os em acasalamentos dirigidos, em Populações Nelore. *R. Bras. Zootec.*, (32): 834-842. 2003.
- CARVALHEIRO, R.; CAVALCANTI, J.R. O biotipo dos animais do seu rebanho está de acordo com seu objetivo de seleção? *In: Anais da Reunião Anual da SBMA*, São Carlos - SP, 2008.
- POLLAK, E.J.; QUAAS, R.L. Monte Carlo study of genetic evaluations using sequentially selected records. *J. Anim. Sci.*, (52): 257-264. 1981.
- SCHAEFFER, L.R. 2003. Quantitative genetics and animal models (course notes).