

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS  
ESCOLA DE VETERINÁRIA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL

**EFEITO DA ESTRUTURA DOS DADOS SOBRE AS  
ESTIMATIVAS DE (CO)VARIÂNCIAS DE PESO À DESMAMA EM  
BOVINOS DE CORTE, USANDO DADOS SIMULADOS.**

Autor: Jorge Luís Ferreira  
Orientador: Prof. Dr. Arcadio de los Reyes Borjas

GOIÂNIA  
2009

# **Livros Grátis**

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

JORGE LUIS FERREIRA

**EFEITO DA ESTRUTURA DOS DADOS SOBRE AS ESTIMATIVAS DE  
(CO)VARIÂNCIAS DE PESO À DESMAMA EM BOVINOS DE CORTE,  
USANDO DADOS SIMULADOS.**

Tese apresentada para obtenção do grau de  
Doutor em Ciência Animal junto à Escola de  
Veterinária da Universidade Federal de  
Goiás

**Área de Concentração:**  
Produção Animal

**Orientador:**

Prof. Dr. Arcadio de los Reyes Borjas

**Comitê de Orientação:**

Dr. Roberto Carneiro

Prof. Dr. Raysildo Barbosa Lôbo

GOIÂNIA  
2009

***A minha mãe***

***Maria Isabel,***

***Pelo amor, dedicação, incentivo,***

***apoio incondicional, confiança e exemplo***

***de vida tão valioso para meu crescimento.***

***Aos meus irmãos: Gilvânia, Ana Lúcia, Raí, Berto, Adolfo, Socorro, Áureo, Maria das Graças e Antônio José,***

***pelo carinho, fraternidade e apoio***

***inestimável na concretização deste trabalho.***

***Aos meus sobrinhos: Jairo, Jádina, Janaina, Jaqueline, Luciana, Ana Patrícia, Maria Carolina, Tiago, Sofia, Adolfo Neto, e Pedro Neto,***

***que trazem grande luz, amor, alegria, carinho....***

***A VOCÊS OFEREÇO!***

**Ao meu Pai, Adolfo Ferreira dos Santos (in memorian)**

*Pai...*

*Eu sou o que sou por sua causa. Só consegui chegar até aqui, concluir mais essa etapa, porque você está junto de mim. Porque carrego tudo de bom que você me deixou: as lições, as ações, os conselhos, as boas lembranças, um exemplo de pessoa e de vida (exemplo que ajuda a guiar meu coração e meu pensamento). E carrego principalmente o amor que você nos deixou, tão grande que podemos sentir mesmo na sua ausência.*

*Por isso tudo eu te agradeço. Obrigado pela vida, pelo apoio, pelo exemplo, pelo amor incondicional, pela família que me deu. Obrigado por ter feito parte da minha vida, mesmo que por um breve período. Obrigado por me dar a chance de estar aqui hoje.*

*Sinto saudades, Pai. Te amo muito, para sempre.*

**DEDICO.**

## AGRADECIMENTOS

- Primeiramente a **Deus** que nos guarda e nos acolhe em todos os instantes;
- A minha **mãe e irmãos** que sempre estão ao meu lado incentivando-me a crescer e aconselhando a buscar o melhor para minha vida;
- A **Universidade Federal do Tocantins** pela oportunidade concedida;
- Aos **colegas professores** da Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia pelo apoio, e companheirismo;
- Ao grande AMIGO **Prof. Dr. José Américo Soares Garcia** pelo apoio, incentivo, confiança, lealdade, respeito, por não me deixar fraquejar durante os momentos mais difíceis. Muito obrigado pela sua amizade.
- Ao Professor **Arcadio de los Reyes**, pelos ensinamentos, orientação, apoio, e auxílio na condução do trabalho;
- Ao Dr. **Roberto Carneiro** pela amizade, respeito, coleguismo, grande incentivo, por cada parcela de conhecimento dada, acrescentando em muito para minha vida profissional e ajuda durante essa pesquisa e que se dispôs a me co-orientar;
- Ao Professor **Raysildo Barbosa Lôbo** pela amizade e incentivo, pela credibilidade, confiança depositada e que se dispôs a me co-orientar;
- Ao **Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal** da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Goiás, pela oportunidade e compreensão;
- A **Diretoria de Pós-Graduação** da Pró-Reitoria de Pesquisa e Pós-Graduação da Universidade Federal do Tocantins;
- A todos os **membros da banca de qualificação**, Professoras Darci Silva de Oliveira Dias, e Carina Ubirajara de Faria, e aos pesquisadores Dr. José Benedito de Freitas Trovo, Dr. José Robson da Silva Sereno, pela atenção, recomendações e sugestões;
- A todos os **membros da banca de exame final**, Professoras Darci Silva de Oliveira Dias, e Lúcia Galvão de Albuquerque, e aos professores Dr. João Teodoro de Pádua, Dr. Breno Farias, pela atenção, recomendações e sugestões;
- À amiga **Tânia Vasconcelos Cavalcante** pelo apoio, respeito, e amizade;
- Às colegas de trabalho e amigas **Elda Ferreira Dias e Viviane Mayumi Maruo** pelo companheirismo e amizade, apoio e respeito;

- Aos colegas de trabalho Wallace Henrique, Heloísa Baleronni, Eduardo Bierle, Pedro Moura, Claudio Henrique Fernandes, Taciana Rabelo, Severino Villela, Elcivan Bento, Silvia Minharro, Suedney Lima, Helciléia Santos, Gerley Diaz, Susana Queiroz e todos os demais colegas pelo companheirismo e amizade;

- Aos **colegas e ex-colegas da pós-graduação**, Susana Queiroz, Gabriela Silva, Anderson Mori, Eduardo, Sandro, Lillian Pascoa, Nataly, Candice, Leonardo Atta, Fernanda, Daniel e Raquel pela amizade, brincadeiras, farras e companheirismo;

- Ao grande amigo, **João Cardoso**, que nos deixou tão cedo. Saudade eterna;

- Ao **funcionário Gerson Luís da Silva** pela amizade, respeito, companheirismo, dedicação e presteza;

- As estagiárias de Melhoramento Genético Animal, Lorraine, Jalile, Caroline e Marina pelos bons momentos, estudos, discussões e amizade;

- As bolsistas de IC Lorraine e Jalile pelos bons momentos, muitos estudos, confiança, respeito e amizade;

- Ao **funcionário Hélio Alves Carvalho** pelo acolhimento, amizade, confiança e respeito;

- Aos **professores e funcionários** do Departamento de Produção Animal da Universidade Federal de Goiás pelo acolhimento, apoio, confiança e companheirismo;

- Aos **acadêmicos e ex-acadêmicos** do curso de Medicina Veterinária e Zootecnia da UFT pelo apoio, consideração e compreensão durante o curso de doutoramento;

- À **Capex** pela concessão da bolsa durante o curso;

- Aos **funcionários da UFT** pelo apoio e respeito;

- A **todos** que direta ou indiretamente contribuíram de alguma forma para esta realização e cujos nomes, mesmo não citados, encontram-se escritos em outra forma de linguagem.

## **O Vencedor**

*Los Hermanos*

*Olha lá quem vem do lado oposto*

*E vem sem gosto de viver*

*Olha lá que os bravos são escravos*

*Sãos e salvos de sofrer*

*Olha lá quem acha que perder*

*É ser menor na vida*

*Olha lá quem sempre quer vitória*

*E perde a glória de chorar*

*Eu que já não quero mais ser um vencedor,*

*Levo a vida devagar pra não faltar amor*

*Olha você e diz que não*

*Vive a esconder o coração*

*Não faz isso, amigo*

*Já se sabe que você*

*Só procura abrigo*

*Mas não deixa ninguém ver*

*Por que será?*

*Eu que já não sou assim*

*Muito de ganhar*

*Junto às mãos ao meu redor*

*Faço o melhor que sou capaz*

*Só pra viver em paz.*



## SUMÁRIO

<b>ITEM</b>	<b>página</b>
LISTA DE TABELAS .....	09
LISTA DE FIGURAS.....	11
<b>RESUMO GERAL</b> .....	12
<b>ABSTRACT</b> .....	13
<b>CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS</b> .....	14
1 INTRODUÇÃO .....	14
2 REVISÃO DA LITERATURA .....	16
3 REFERÊNCIAS.....	21
<b>CAPÍTULO 2 – Efeitos da estrutura dos dados e dos valores reais das covariâncias sobre suas estimativas para Peso à desmama em bovinos de corte.</b> .....	26
RESUMO.....	26
ABSTRACT .....	27
1 INTRODUÇÃO .....	28
2 MATERIAL E MÉTODOS .....	29
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	35
4 CONCLUSÕES .....	44
5 REFERÊNCIAS.....	44
<b>CAPÍTULO 3 – Efeitos da proporção de elos mãe-progênie e dos valores reais das (co)variâncias sobre suas estimativas para Peso à desmama em bovinos de corte.</b> .....	47
RESUMO.....	47
ABSTRACT .....	49
1 INTRODUÇÃO .....	51
2 MATERIAL E MÉTODOS .....	51
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	58
4. CONCLUSÕES .....	63
4 REFERÊNCIAS.....	64
<b>CAPÍTULO 4 – Efeitos da inclusão ou não da covariância genética direta-maternal no modelo e dos valores reais das (co)variâncias sobre suas estimativas para Peso à desmama em bovinos de corte. ...</b> .....	66
RESUMO.....	66
ABSTRACT .....	67
1 INTRODUÇÃO .....	68
2 MATERIAL E MÉTODOS .....	68
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	73
4 CONCLUSÕES .....	76
5 REFERÊNCIAS.....	77
<b>CAPÍTULO 5 – CONSIDERAÇÕES FINAIS</b> .....	79

## LISTA DE TABELAS

	página
<b>CAPÍTULO 1</b>	
TABELA 1 Estimativas de herdabilidades direta ( $h_a^2$ ), maternal ( $h_m^2$ ), correlação genética direta-maternal ( $r_{am}$ ) e razão entre a variância de ambiente permanente maternal e a variância fenotípica ( $c^2$ ), para peso ao desmame em rebanhos bovinos de corte, em diversos raças.	17
<b>CAPITULO 2</b>	
TABELA 1 Número de vacas expostas à reprodução e índice de concepção (IC %) segundo idade (anos) no processo de simulação.	30
TABELA 2 Estatísticas descritivas dos dados acumulados, em cada ano considerado, nas análises da população simulada.	33
TABELA 3 Significâncias dos efeitos principais sobre as estimativas de (co)variâncias para a característica <i>PD</i> , obtidas a partir de análise unicaráter sob modelo animal.	36
TABELA 4 Valores do Erro-padrão das estimativas de variância genética direta, segundo diferentes cenários.	37
TABELA 5 Valores do Erro-padrão das estimativas de variância genética maternal, segundo diferentes cenários.	40
TABELA 6 Valores do Erro-padrão das estimativas de covariância genética direta-maternal, segundo diferentes cenários.	41
TABELA 7 Valores do Erro-padrão das estimativas de variância de ambiente permanente maternal, segundo diferentes cenários.	43
<b>CAPITULO 3</b>	
TABELA 1 Número de vacas expostas à reprodução e índice de concepção (IC %) segundo idade (anos) no processo de simulação.	53
TABELA 2 Proporção de elos mãe-progênie efetivos, segundo número médio de filhos por vaca, no arquivo total (20 <sup>o</sup> ano).	56
TABELA 3 Distribuição das 533 vacas com pesos, para se gerar o arquivo com 10 % de elos mãe-progênie.	57

TABELA 4 Número de vacas e número de elos em cada arquivo, segundo a proporção de elos mãe-progênie. 57

TABELA 5 Significâncias dos efeitos sobre as estimativas de (co)variâncias, para a característica PD em bovinos. 59

#### **CAPITULO 4**

TABELA 1 Número de vacas expostas à reprodução e índice de concepção (IC %) segundo idade (anos) no processo de simulação. 70

TABELA 2 Significâncias dos efeitos sobre as estimativas de (co)variâncias para a característica PD, em bovinos de corte. 74

**LISTA DE FIGURAS**

	página
<b>CAPÍTULO 2</b>	
FIGURA 1 Magnitudes do viés das estimativas de variância genética aditiva direta (%), segundo valores reais das razões entre as variâncias genéticas direta e maternal, da correlação genética direta-maternal e do ano, estimadas sob modelo animal unicaráter.	38
<b>CAPÍTULO 3</b>	
FIGURA 1 Magnitudes do viés das estimativas de variância genética aditiva direta (%), segundo valores reais das razões entre as variâncias genéticas direta e maternal, da correlação genética direta-maternal e do ano, estimadas sob modelo animal unicaráter.	60
<b>CAPÍTULO 4</b>	
FIGURA 1 Influência da interação CxM sobre as estimativas de variância genética maternal.	75
FIGURA 2 Magnitudes do viés das estimativas de variâncias (%) segundo valores reais das razões entre as variâncias genéticas direta e maternal e da correlação genética direta-maternal, sob modelos incluindo (M2) ou não (M1) a covariância genética direta-maternal.	76

## RESUMO

Objetivou-se avaliar os efeitos do ano (tamanho amostral, genealogia e estrutura dos dados), da proporção de elos mãe-progênie (pares mãe-filho ambos com registro), da inclusão (M2) ou não (M1) da covariância genética direta-maternal no modelo, da magnitude da correlação genética direta-maternal (C) e da razão entre as variâncias genéticas direta e maternal (R) sobre as estimativas para peso à desmama em bovinos de corte. Os efeitos da correlação (C) e razão entre variâncias (R) resultaram significativos sobre as estimativas da variância genética direta ( $P < 0,05$ ,  $P < 0,001$ , respectivamente), maternal ( $\sigma_m^2$ ) ( $P < 0,001$ ) e da covariância genética direta-maternal ( $\sigma_{am}$ ) ( $P < 0,001$ ). O ano influenciou significativamente ( $P < 0,01$ ) as estimativas de  $\sigma_{am}$ , e não foi significativo sobre  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_m^2$ . O efeito da proporção de elos mãe-progênie (E) foi significativo ( $P < 0,0001$ ) sobre as estimativas de  $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_{am}$ ,  $\sigma_{ap}^2$ , e  $\sigma_e^2$ , não sendo significativo sobre  $\sigma_m^2$ .

No modelo com covariância direta-maternal zerada  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_m^2$  foram subestimadas quando a correlação genética direta-maternal foi negativa, e superestimadas quando a mesma foi positiva. Estimativas acuradas e precisas das (co)variâncias de características sob efeito maternal merecem estudos intensificados e detalhados, uma vez que, essas estimativas podem ser influenciadas pela natureza e composição dos dados, correlação genética direta-maternal e modelo aplicado. Estes resultados provem indicativos sobre a confiabilidade e precisão potenciais das estimativas sobre dados reais, embora se saiba que suas magnitudes possam diferir, devido a causas adicionais de viés, como erros vinculados ao processo de coleta e fluxo das informações dos rebanhos.

**Palavras-chave:** bovinos, covariância genética direta-maternal, estrutura populacional, simulação, habilidade maternal, proporção elos mãe-progênie.

## ABSTRACT

The objective was to evaluate the effects of the year (sample size, genealogy and data structure), mother-offspring link proportion (mother-offspring pairs, both with weaning weights), inclusion ( $M_2$ ) or not ( $M_1$ ) of the genetic direct-maternal covariance in the model, the direct-maternal correlation (C) magnitude and the direct and maternal genetic variance ratio (R) on the (co)variance estimates on weaning weight of beef cattle. The effects of the correlation (C) and variance ratio (R) were significant on the estimate of direct genetic variance ( $\sigma_a^2$ ) ( $P < 0,05$ ,  $P < 0,001$ , respectively), maternal genetic variance ( $\sigma_m^2$ ) ( $P < 0,001$ ) and direct-maternal genetic covariance ( $\sigma_{am}$ ) ( $P < 0,001$ ). The year influenced significantly ( $P < 0,01$ ) the estimates of  $\sigma_{am}$  and was not significant on  $\sigma_a^2$  and  $\sigma_m^2$ . The effect of the mother-offspring link proportion (E) was significant ( $P < 0,0001$ ) on the estimate of  $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_{am}$ ,  $\sigma_{ap}^2$ , and  $\sigma_e^2$ , being not significant on  $\sigma_m^2$ . In the model with zero direct-maternal covariance,  $\sigma_a^2$  and  $\sigma_m^2$  were underestimated when the direct-maternal correlation was negative, and overestimated when it was positive. Accurate and precise estimates of genetic variances and covariances of traits under maternal effect deserve detailed study and intensified, since these estimates may be influenced by the nature and composition of data, direct-maternal genetic correlation model used and applied. However, these facts may contribute to mistaken conclusions that are not referenced. These results are indicative of the potential reliability and accuracy of the estimates on real data, although it is known that its magnitudes may differ, due to additional bias, like inherent errors of data gathering process and information flow from the herds.

**Keywords:** bovine, direct-maternal genetic covariance, population structure, maternal ability, proportion of mother-progeny links.

## CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

### 1. INTRODUÇÃO

Nas características de crescimento de bovinos, principalmente no período pré-desmama, os efeitos maternos exercem grande influência nas características de desempenho dos animais. Há interesse, em programas de melhoramento genético de bovinos de corte, na estimação correta de (co)variâncias e na utilização destas para predições de valores genéticos, ou funções das mesmas, como critério de seleção dos animais, que permita o máximo progresso genético.

A escolha de modelos de melhor ajuste para estimação de (co)variâncias e predição de valores genéticos têm sido objetivo de diversos pesquisadores, uma vez que modelos contendo efeitos maternos (genético e ambiental) apresentaram-se mais adequados para estimação de (co)variâncias e predição de valores genéticos.

Em estudos de características de crescimento pré-desmama de bovinos e ovinos de corte têm-se estimado correlação negativa entre os efeitos genéticos aditivos direto e maternal, freqüentemente da ordem de -0,5 ou magnitude absoluta ainda maior, e possíveis explicações para essas estimativas poderiam ter relação com a estrutura dos dados, com a dependência do número de registros por mãe, existência de suficiente número de mães e avós maternas com registros para o caráter, do número de gerações presentes nos dados analisados, com ligações efetivas entre elas, e dos elos mãe-filho com medidas do mesmo caráter, além de outras possíveis interações ambientais. MEYER (1992a) afirmou que a alta correlação negativa entre efeitos genéticos aditivos direto e maternal, observada para características de crescimento inicial, dificulta a possível resposta biológica para este efeito. Entretanto, uma possível explicação para essas estimativas, teria relação com a estrutura dos dados. Da mesma forma, MANIATIS & POLLLOT (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, da existência de suficiente número de mães e avós maternas com dados e do número de gerações presentes nos dados analisados. Assim, a estrutura dos dados poderia ser um dos fatores determinantes da correlação genética negativa freqüentemente estimada entre efeitos genéticos aditivos direto e maternal. Entretanto, VOSTRY et al. (2007)

demonstraram que a confiabilidade das estimativas de herdabilidade direta e maternal apresentaram relação antagônica quanto à estrutura dos dados ou número de animais nos dados.

Em estudo sobre as possíveis causas que podem contribuir para o antagonismo entre os efeitos genéticos aditivos direto e maternal, HEYDARPOUR et al. (2008), sobre dados simulados, analisando o efeitos dos valores de correlação genética direta-maternal, da razão entre as variâncias genéticas direta e maternal e proporção de mães com registros próprios no conjunto de dados, concluíram que a confiabilidade das estimativas de (co)variâncias para características sob efeito maternal foi significativamente reduzida quando o número de mães sem registros na população foi alto, informando ainda que, a razão entre as variâncias genéticas direta e maternal junto com o sinal da correlação entre os efeitos genéticos aditivos direto e maternal teve uma maior influência na confiabilidade das estimativas de (co)variâncias.

Assim, no presente trabalho, objetivou-se avaliar o efeito do valor real da correlação genética entre os efeitos direto e maternal, da razão entre as variâncias genéticas direta e maternal, do ano (tamanho amostral, genealogia, entre outros), bem como da proporção de elos mãe-progênie (pares mãe-filho com medidas do mesmo caráter) e da inclusão ou não no modelo da covariância genética direta-maternal sobre as estimativas de (co)variâncias do peso à desmama de bovinos de corte, usando dados simulados.



## 2. REVISÃO DE LITERATURA

De acordo com WILLHAM (1963) a contribuição maternal é estritamente ambiental com relação ao produto, e diferenças genótípicas entre mães para efeito maternal são expressas em sua progênie. Sendo assim, a influência maternal é fruto do genótipo da mãe e da ação ambiental que potencializa ou inibe a expressão desse genótipo. O mesmo autor apresentou um diagrama de coeficientes de trilha, onde demonstra a inter-relação entre o efeito genético aditivo maternal e o fenótipo da progênie, em que, o fenótipo atribuído à progênie, é função do genótipo ao efeito direto, inerente ao próprio indivíduo, e ao efeito ambiental proveniente da mãe. ROBISON (1972) cita que as causas do efeito maternal podem ser determinadas pelo citoplasma do óvulo, o ambiente intra-uterino, o ambiente pós-natal, a produção de leite e a habilidade maternal, exercendo significativa contribuição na variância, até para características que se manifestam relativamente tarde na vida do animal, como peso ao sobreano, taxa de ovulação, dentre outras. A grande influência dos efeitos maternais sobre características de crescimento de animais jovens é conhecida, sendo tais efeitos determinados pela capacidade de produção de leite, necessária para o crescimento do bezerro e outros comportamentos maternais.

Diversos estudos têm sido conduzidos para quantificar o efeito maternal para características de crescimento, especialmente aquelas medidas durante o período pré-desmama (WILLHAM, 1963; WILLHAM, 1980; QUASS & POLLAK, 1980; NORTH CUTT & BUCHANAN, 1993; SCHAEFFER, 1993; ROBINSON, 1996a e 1996b; CLEMENT et al., 2001; MANIATIS & POLLOT, 2003; ALBUQUERQUE & MEYER, 2005; HEYDARPOUR et al. 2008; ZAMANI & MOHAMADI, 2008). Na Tabela 1 estão apresentados alguns dos resultados de pesquisa em que foram estimadas as herdabilidades direta ( $h_a^2$ ), maternal ( $h_m^2$ ), correlação entre efeitos genéticos aditivos direto e maternal ( $r_{am}$ ) e a razão entre a variância de ambiente permanente maternal e a variância fenotípica ( $c^2$ ), para peso ao desmame em rebanhos de corte, em diversos países.

A obtenção de estimativas não-viesadas dos parâmetros genéticos é primordial para se alcançar sucesso em programas de melhoramento genético. Um aspecto relevante é a definição do modelo que será aplicado ao conjunto de dados. SCHAEFFER (1993) demonstrou que a correlação genética negativa entre efeitos genéticos aditivos

direto e maternal pode ser resultado da estimativa do efeito maternal como função linear do efeito direto nos modelos aplicados.

Tabela 1. Estimativas de herdabilidades direta ( $h_a^2$ ), maternal ( $h_m^2$ ), correlação genética direta-maternal ( $r_{am}$ ) e razão entre a variância de ambiente permanente maternal e a variância fenotípica ( $c^2$ ), para peso ao desmame em rebanhos bovinos de corte, em diversas raças.

<b>FONTE</b>	$h_a^2$	$h_m^2$	$r_{am}$	$c^2$	<b>Raça</b>
MEYER et al. (1993)	0,42	0,10	0,07	0,09	Polled Hereford
WALDRON et al. (1993)	0,29	0,04	-0,35	0,15	Angus
ELER et al. (1995)	0,16 a 0,22	0,10 a 0,12	-0,32 a -0,72	0,07 a 0,14	Nelore
ROBINSON, (1996a)	0,35 a 0,47	0,08 a 0,17	-0,45	0,06	Hereford
DODENHOFF et al. (1998)	0,10 a 0,18	0,13 a 0,34	-0,11 a -0,44	0,07 a 0,29	Angus
BASCHNAGEL et al. (1999)	0,14 a 0,23	0,13	-0,16 a -0,50	0,07	Angus
MATTOS et al.(2000)	0,20 a 0,24	0,16 a 0,18	-0,35 a -0,50	0,15 a 0,20	Hereford
CABRERA et al. (2001)	0,25	0,10	-0,20	0,17	Nelore
CARDOSO et al. (2001)	0,25	0,16	-0,51	0,12	Angus
GUNSKI et al. (2001)	0,26	0,10	-0,24	0,08	Nelore
JACINTO et al. (2005)	0,17 a 0,39	0,10 a 0,14	-0,11	0,06 a 0,14	Tabapuã
MUNIZ et al. (2005)	0,11	0,04	0,23	0,07	Gir
KNACKFUSS et al. (2006)	0,23	0,03	-0,38	0,08	Gir

Como explicação para este fato, o efeito maternal foi estimado para touros, embora os mesmos não tivessem no conjunto de dados pelo menos uma filha desmamando um bezerro. Esses touros sem netos apresentaram correlação entre os efeitos direto e maternal igual a menos um (-1,0), porque não existia observação para a estimativa do efeito maternal, sendo função apenas do efeito direto. Entretanto, ROBINSON (1996a) explica que a correlação negativa entre efeitos genéticos direto e maternal pode ser mais consequência da variação adicional entre touros ou da interação touro x ano, do que uma real relação genética antagônica. Essa correlação genética é importante porque determina a efetividade que poderia ter a seleção para um caráter indicador, efeito maternal a desmama como causa de mudança de um caráter economicamente importante, como produção de leite.

Os modelos estatísticos predominantemente usados para análises de efeito maternal não levam em conta a correlação entre os dados da mãe e do bezerro (QUASS

& POLLACK, 1980; HENDERSON, 1984). Entretanto, KOCH (1972) afirmou que quando estes efeitos são ignorados levam ao viés na estimativa da correlação entre efeitos genéticos aditivos direto e maternal. A desconsideração do efeito maternal (genético e/ou ambiental) produz superestimativas da herdabilidade direta o que pode conduzir a conclusões errôneas, uma vez que toda a variância encontrada, excetuando-se a residual, terá origem atribuída ao efeito genético aditivo direto. MANDAL et al. (2006) afirmaram que o uso de modelos corretos é imprescindível na estimativa acurada de componentes de (co)variâncias de características de crescimento pré-desmama, demonstrando que a não inclusão do efeito maternal levaria a superestimação da herdabilidade direta, e que a exclusão do efeito ambiental permanente maternal significativo, elevaria a herdabilidade maternal.

MEYER (1992b), usando o método da razão de verossimilhança restrita (REML), estimou componentes de (co)variâncias para pesos ao nascer, à desmama, ao ano e peso final em gado Hereford, Angus e Zebu cruzado na Austrália, por meio de seis diferentes modelos para cada característica e raça. Quando foram ignorados os efeitos maternos a herdabilidade direta foi inflada substancialmente, em particular para pesos até a desmama. Os efeitos maternos foram significativos em todas as análises exceto para peso final em Angus. Foram constatadas grandes diferenças entre raças nas magnitudes relativas das herdabilidades direta e maternal e da correlação entre efeitos genéticos aditivos direto e maternal ( $r_{am}$ ). Para Angus,  $r_{am}$  foi baixa, positiva e não significativamente diferente de zero para todas as características. Para Hereford e Zebu cruzado, as  $r_{am}$  foram negativas e moderadas a altas para peso à desmama (-0.59 e -0.78) e um pouco menores para peso ao ano (-0.48 e -0.39).

MILLER & WILTON (1999) obtiveram valor para essa correlação de -0,35 e comentaram que, mesmo que a literatura indica uma inter-relação negativa, os programas de avaliação genética usam freqüentemente covariância zero. Resultados similares têm sido informados no Brasil (ELER et al., 1995; REYES et al., 1995). REYES et al. (1995) estimaram correlações negativas entre efeitos genéticos direto e maternal, através de análises bi-caráter com REML, para várias medidas de pesos padronizados até os 18 meses de idade na raça Nelore, os valores variaram de -0,06 a -0,51. Considerando que a correlação negativa entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno pode ser resultado de estimação incorreta, MEYER (1991) sugeriu que esses efeitos sejam assumidos como não-correlacionados. SCHAEFFER (1993) também recomendou que se

utilizasse nos modelos com efeito maternal, que o valor da covariância entre efeitos genéticos aditivos direto e maternal fosse igual a zero. Em estudo posterior, FRIES & ALBUQUERQUE (1998), afirmaram que o uso da covariância igual a zero para efeitos genéticos aditivos direto e maternal seria o ideal, pelo menos até que se obtenham informações suficientes, e se conheça melhor a relação entre esses efeitos.

ROBINSON (1996b) testou diferentes modelos uni e bi-caráter considerando dados de campo da raça Angus na Austrália. As estimativas da correlação genética entre efeitos genéticos aditivos direto e maternal foram negativas com valores de -0,52, -0,45, -0,31 e -0,37 para pesos ao nascer, a desmama, ao ano e peso final, respectivamente. No entanto, a análise das correlações entre valores genéticos preditos e ajustamento dos modelos alternativos usados sugeriu que essas estimativas foram, provavelmente, consequência da variabilidade adicional entre touros ou da interação touro x ano, do que evidência de uma verdadeira inter-relação genética negativa. No mesmo trabalho, simulando seis conjuntos de dados sobre os quais se aplicaram nove modelos de análise para testar os efeitos da inter-relação negativa mãe-progênie e a variabilidade adicional entre touros ou devida à interação touro x ano, concluíram que a correlação genética entre efeitos direto e maternal pode ser negativa, não apenas por causa do antagonismo genético, mas também pela variabilidade adicional devida a diferenças entre touros e da interação touro x ano e covariâncias genéticas negativas mãe-progênie.

Com dados simulados, verificando a adequação de modelos para estimação de parâmetros genéticos de características sob efeito maternal, CLÉMENT et al. (2001) verificaram que em modelos que não consideraram os efeitos maternos, genéticos e ambientais, levaram a superestimativas da variância genética direta e sua herdabilidade. Entretanto, nos modelos em que os efeitos maternos foram considerados integralmente houve reduções nas estimativas de variância genética direta e ambiental. Nesses modelos utilizando-se de correlação genética direta-maternal de -0,25 verificaram-se estimativas de herdabilidade direta levemente superestimadas, em relação ao modelo que utilizou correlação genética igual a -0,50, que proporcionou uma precisão maior das estimativas. No Brasil, MALHADO et al. (2004) avaliando modelos que levaram em conta a incorporação ou não da covariância direta-maternal, em dados de bovinos da raça Nelore, não obtiveram diferenças entre os modelos para as estimativas de (co)variâncias e predições dos valores genéticos.

Entretanto, outros fatores têm sido questionados por vários autores, WILLHAM (1963) indicou a possibilidade da influência dos efeitos das avós maternas no

desempenho da prole de suas filhas, sugerindo que o efeito maternal é afetado, em parte, pelo efeito maternal da avó. DODENHOFF et al. (1998) sugeriram que os efeitos das avós maternas são de grande importância para Peso à desmama. Estimativas de variância do efeito da avó materna são moderadas, e as correlações com efeitos direto e maternal foram de 0,20 e -0,99, respectivamente. A herdabilidade materna parece ser consideravelmente subestimada quando o efeito da avó materna não é incluído no modelo. DIOP et al. (1999) demonstraram que a inclusão do efeito da avó materna no modelo não alterou as estimativas das herdabilidades dos efeitos direto e maternal para as características peso ao nascer, peso aos seis meses, peso ao ano e aos dezoito meses de idade.

Para características pré-desmame em animais da raça Nelore, ELER et al. (2000) verificaram que ao considerar a interação touro x rebanho em um modelo animal com efeitos maternos, houve redução da magnitude da correlação genética entre os efeitos aditivos direto e maternal para peso ao desmame e que houve alteração na magnitude e no sinal desta estatística para peso ao nascimento. MEYER (1992b) expressou que a inclusão dos efeitos maternais (genético e de ambiente permanente) nos modelos se torna necessária, pois, a não inclusão desses, na análise levaria ao aumento da variância genética aditiva direta e, conseqüentemente, a estimativas infladas da herdabilidade direta.

As possíveis causas do aparente antagonismo entre efeitos genéticos direto e maternal foi discutido por MEYER (1992b) que apontou diversas causas do viés pertinente às estimativas de (co)variâncias dos efeitos direto-maternal, entre as quais estão: estrutura dos dados, má formação de grupos contemporâneos, heterogeneidade de variâncias, e em certos casos, a falta de formação de grupos genéticos e pressuposição de ausência de covariância entre efeitos genéticos e ambientais permanentes. ROEHE & KENNEDY (1993) afirmaram que quando os efeitos genéticos aditivos maternais são incluídos no modelo, a informação completa da genealogia torna-se importante na obtenção de estimativas mais acuradas das variâncias genéticas aditivas direta e maternal e predições dos correspondentes valores genéticos. Entretanto, quando ignorados ocorre aumento substancial da variância genética aditiva direta, demonstrando a importância relativa da estrutura dos dados nas estimativas.

O efeito genético aditivo direto é estimado sobre uma observação simples por animal, enquanto os efeitos genéticos aditivos maternais dependem do número de progênes por mãe, do número de mães com registro próprio, e do número de gerações

presentes nos dados coletados (GERSTMAYR, 1992). A confiabilidade das estimativas de variâncias genéticas direta e maternal, e a covariância entre elas, dependem das magnitudes reais dos parâmetros genéticos e da estrutura dos dados na população (GERSTMAYR, 1992). MANIATIS & POLLOT (2003) afirmaram que na análise, deve-se ter alta proporção de mães e avós maternas com dados para a obtenção de estimativas mais acuradas. A separação entre componentes maternais, genético e de ambiente permanente, é dependente do número de informações de progênie, assim como, presença de dados das mães na informação analisada. Pois, a separação entre o componente genético aditivo maternal e efeito do ambiente permanente maternal requer registros repetidos por cada mãe e presença dessas mães com registro próprio nos dados.

Na África do Sul, WASIKE et al. (2006) avaliando quatro modelos para estimação de (co)variâncias para Peso à desmama em bovinos da raça Boran de Kênia, verificaram que as estimativas dos parâmetros genéticos incluindo a covariância genética direta-maternal variaram conforme a proporção (tamanho amostral e genealogia) e estrutura dos dados, como do conhecimento das estruturas de covariâncias presentes nos dados.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth of Nelore cattle applying a parametric correlation function to model within-animal correlations. **Livestock Production Science**, v.93, p.213-222, 2005.

BASCHNAGEL, M.B., MOLL, J., KUNZI, N. Comparison of models to estimate maternal effects for weaning weight of Swiss Angus cattle fitting a sire\_herd interaction as an additional random effect. **Livest. Prod. Sci.** 60, 203–208, 1999.

CABRERA, M.E.; GARNERO, A del V, LOBO, R.B.; GUNSKI, R.J.; Efecto de La incorporacion de la covarianza genética directa-materna em el analisis de características de crecimiento em la raza Nelore. **Livest. Res., Rural Devel.**, v.13, n.3, 2001.

CARDOSO, F.F., CARDELINO, R.A., CAMPOS, L.T. Componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos para caracteres produtivos ‘a desmama de bezerras Angus criados no Estado do Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.1, p.41-48,

2001.

CLEMENT, V.; BIBÉ, B.; VERRIER, E.; ELSEN, J-M.; MANFREDI, E.; BOUIX, J.; HANOCQ, E. 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.**, v.33, p.369-395, 2001.

DODENHOFF, J.; L. D. VAN VLECK and D. E. WILSON. Comparison of Models to Estimate Genetic Effects for Weaning Weight of Angus Cattle. **J. Anim. Sci.**, v.77, p. 3176–3184, 1998.

DODENHOFF, J.; L. D. VAN VLECK and K. E. GREGORY. Estimation of Direct, Maternal, and Grandmaternal Genetic Effects for Weaning Weight in Several Breeds of Beef Cattle. **J. Anim. Sci.**, v.77,p.840–845, 1999.

ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; LÔBO, R. B. and JOSAHKIAN, L. A. Genetic antagonism between growth and maternal ability in Nelore cattle. **J. Anim. Sci.**, v.72, p.138, 1995.

ELER, J.P., FERRAZ, J.B.S., GOLDEN, B.L., PEREIRA, E. Influência da interação touro x rebanho na estimação da correlação entre efeitos genéticos direto e materno em bovinos da raça Nelore. **Rev. Bras. Zootec.**, v.29, n.6, p.1642-1648, 2000.

GERSTMAYR, S. Impact of the data structure on the reliability of the estimated genetic parameters in an animal model with maternal effects. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 109, p.321-336, 1992.

GUNSKI, R.J.; GARNERO, A. del V.; REYES, A de los.; BEZERRA, L.A.F.; LOBO, R.B. Estimativas de parâmetros genéticos para características incluídas em critérios de seleção em gado Nelore. **Ciência Rural**, v.31, p.603-607, 2001.

HENDERSON, C.R. *Applications of linear models in animal breeding*. Ontario: University of Guelph. 426p. 1984.

HEYDARPOUR, M., SCHAEFFER, L., YAZDI, H. Influence of population structure on estimates of direct and maternal parameters. **J. Anim. Breed. Genetics**, 125:89-99. 2008.

JACINTO, E.J., MARTINS FILHO, R., MALHADO, C.H.M., AZEVEDO, D.M.M.R., CARNEIRO, P.L.S., LÔBO, R.N.B., FACÓ, O., MACHADO, C.H.C., SOUZA, J.C. Adequação de modelos para estimativa de parâmetros genéticos relativos ao peso aos 205 dias de idade em bovinos da raça Tabapuã, criados na região Nordeste. **Revista Ciência Agronômica**, v.36, n.2, p.221-226, 2005.

KNACKFUSS, F.B.; RAZOOK, A.G.; MERCADANTE, M.E.Z.; CYRILLO, J.N.S.; FIGUEIREDO, L.A.; TONHATI, H. Seleção para peso pós-desmama em um rebanho Gir. 2. Estimativas de variâncias e parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno para características de crescimento. **Rev. Bras. Zootec.**, v.35, n.3, p.726-732, 2006.

KOCH, R.M. The role of maternal effects in animal breeding: VI. Maternal effects in beef cattle. **J. Anim. Sci.**, v.35, n.6, p. 1316-23, 1972.

MALHADO, C.H.M.; LÔBO, R.N.B.; MARTINS FILHO, R.; FACÓ, O.; AZEVEDO, D.M.M.R. Efeito da incorporação da covariância entre os efeitos direto e materno sobre a análise para a característica dias para ganhar 160 Kg. **Bras. J. Vet. Research and Anim. Sci.**, v.41, p.14-19, 2004.

MANDAL, A., NESER, F.W.C., ROUT, P.K., ROY, R., NOTTER, D.R. Estimation of direct and maternal (co)variance components for pre-weaning growth traits in Muzaffarnagari sheep. **Liv. Prod. Sci.** 99:79-99. 2006.

MANIATIS, N., POLLOT, G.E. 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. 2003.

MATTOS, D.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. Variance and covariance components for weaning weight for Herefords in three countries. **J. Anim. Sci.**, v.78, p.33-37, 2000.

MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of



Australian beef cattle. **Livestock Production Science**, v.1, p.179-204, 1991.

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

MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian Beef Cattle. **Liv. Prod. Sci.**, v.31, p. 179-204, 1992b.

MEYER, K. Covariance matrices for growth traits of Australian Polled Hereford Cattle. **Anim. Prod.**, v.57,p.37-45, 1993.

MILLER, S.P.; WILTON, J.W. Genetic relationships among direct and maternal components of milk yield and maternal weaning gain in a multibreed beef herd. **J. Anim. Sci.**, v.77, p.1155-1161, 1999.

MUNIZ, C.A.S.D.; CARVALHEIRO, R.; FRIES, L.A.; QUEIROZ, S.A. Dois critérios de seleção na pré-desmama em bovinos da raça Gir. 1. Estimativas de parâmetros genéticos. **Rev. Bras. Zootec.**, v.34, n.3, p.807-815, 2005.

NORTHCUTT, S.L.; BUCHANAM, D.S. **Expected Progeny Difference: Part III, Maternal Trait EPDs**. Oklahoma Cooperative Extension Service • Division of Agricultural Sciences and Natural Resources, ANSI-3161, 2004. Disponível em: <http://pods.dasnr.okstate.edu/docushare/dsweb/Get/Document-2004/ANSI-3161.pdf>. Acessado em: 20 Junho 2008.

QUAAS, R.L. & POLLACK E.J. Mixed model methodology for farm and ranch beef cattle testing programs. **J. Anim. Sci.**, v.51, p.1277-87, 1980.

REYES, A. de los; LÔBO, R. B.; OLIVEIRA, H. N.; TONHATI, H.; MARTINS-FILHO, R. e BEZERRA, L. A. F. Estimación de (co)varianzas y DEPs por Modelo Animal bicarácter para pesos y perímetro escrotal de ganado Nelore en Brasil. **Revista Argentina de Producción Animal. Memorias**, v.15, n.3/4, p. 926-930, 1995.

ROBINSON, D. L. Estimation and interpretation of direct and maternal genetic parameters for

weights of Australian Angus cattle. **Liv. Prod. Sci.**, v.45, p.1-11, 1996a.

ROBINSON, D. L. Models which might explain negative correlations between direct and maternal genetic effects. **Liv. Prod. Sci.**, v.45, p.111-122, 1996b.

ROBISON, O.W. The role of maternal effects in animal breeding: V. Maternal effects in swine. **J. Anim. Sci.**, v.35, p.1303-1315, 1972.

ROEHE, R., KENNEDY, B.W. The influence of maternal effects on accuracy of evaluation of litter size in swine. **J. Anim. Sci.** 71:2353-2364. 1993.

SCHAEFFER, L.R. Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. **Livest. Prod. Sci.**, v.35, p.1321-1340, 1993.

VOSTRY, L., PRIBYL, J., VESELA, Z., JAKUBEC, V. Selection of a suitable data set and model for the estimation of genetic parameters of the weaning weight in beef cattle. **Arch. Tierz. Dummerstorf**, v.50, n.6, p.562-574, 2007.

WALDRON, D.F., MORRIS, C.A., BAKER, R.L., JOHNSON, D.L. Maternal effects for growth traits in beef cattle. **Livest. Prod. Sci.**, v.34, p.57-70, 1993.

WASIKE, C.B., INDETIE, D., IRUNGU, K.R., OJANGO, J.M., KAHU, A.K. Environmental effects on variation in growth and reproductive performance of Boran cattle in ASAL of Kenya. **Bulletin of Animal Health and Production in Africa**, V.54, N.3, P.156-167, 2006.

WILLHAM, R.L. Problems in estimating maternal effects. **Liv. Prod. Sci.**, v.7, p. 405-418, 1980.

WILLHAM, R.L. The covariance between relatives for characters composed of components contributed by related individuals. **Biometrics**, v. 19, n.1, p. 18-27, 1963.

ZAMANI, P., MOHAMMADI, H. Comparison of different models for estimation of genetic parameters of early growth traits in the Mehraban sheep. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.125, n.1, p.29-34, 2008.

## CAPÍTULO 2. EFEITOS DA ESTRUTURA DOS DADOS E DOS VALORES REAIS DAS (CO)VARIÂNCIAS SOBRE SUAS ESTIMATIVAS PARA PESO À DESMAMA EM BOVINOS DE CORTE.

### RESUMO

Objetivou-se estudar os efeitos da correlação genética direta-maternal, da razão entre variâncias direta e maternal e do ano sobre estimativas de (co)variâncias de dados simulados de Peso à desmama em gado de corte. Foi realizada simulação estocástica de um rebanho sob processo de seleção por 20 anos, aproximando-se de condições reais. Cada cenário foi definido combinando um valor da correlação genética (-0,50; -0,25; zero; +0,25 e +0,50), uma razão (75:75; 50:100; 100:50) e um ano (A5, A10, A15 e A20) da população. O ano definiu-se por quatro pontos equidistantes, que diferiram pelo tamanho amostral, estrutura da genealogia e efeito da seleção. Os efeitos da correlação (C) e razão entre variâncias (R) resultaram significativos sobre as estimativas da variância genética direta ( $\sigma_a^2$ ) (P<0,05, P<0,001, respectivamente), maternal ( $\sigma_m^2$ ) (P<0,001) e da covariância genética direta-maternal ( $\sigma_{am}$ ) (P<0,001). O ano influenciou significativamente (P<0,01) as estimativas de  $\sigma_{am}$ , e não foi significativo sobre  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_m^2$ . As estimativas das variâncias de ambiente permanente maternal e residual não foram influenciadas pelos fatores analisados, com  $R^2$  menor que 1%. A confiabilidade e precisão das estimativas depende das magnitudes relativas das próprias (co)variâncias sendo estimadas, e a precisão dependente do volume de informações dos dados. Esses resultados poderiam prover indicativos sobre confiabilidade e precisão potenciais das estimativas de características sob efeito maternal, em condições de dados reais, embora suas magnitudes possam diferir, devido a causas adicionais de viés, como erros vinculados ao processo de coleta e fluxo das informações dos rebanhos.

**Palavras-chave:** efeitos genéticos aditivos direto e maternal, estrutura populacional, habilidade maternal, simulação, correlação genética direta-maternal.

## CHAPTER 2. EFFECTS OF DATA STRUCTURE AND REAL VALUES OF (CO)VARIANCES ON THEIR ESTIMATES FOR WEANING WEIGHT IN BEEF CATTLE.

### ABSTRACT

The objective was to study the effects of direct-maternal genetic correlation, the ratio between direct and maternal variances and year on the estimated (co) variances of simulated data for weaning weight in beef cattle. We performed stochastic simulation of a flock in the selection process for 20 years, approaching the real conditions. Each scenario was defined by combining a value of genetic correlation (-0.50, -0.25; zero, +0.25 and +0.50), a ratio (75:75, 50:100, 100:50) and one year (A5, A10, A15 and A20) of the population. The year was defined by four equidistant points, which differ by sample size, pedigree structure and effect of the selection. The effects of correlation (C) and ratio of variances (R) results on the estimates of direct genetic variance ( $\sigma_a^2$ ) (P<0,05, P<0,001, respectively), maternal variance ( $\sigma_m^2$ ) (P<0,001) and direct-maternal genetic covariance ( $\sigma_{am}$ ) (P<0,001). The year influenced significantly (P <0.01) the estimates of  $\sigma_{am}$ , and was not significant on  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_m^2$ . Estimates of maternal permanent environmental variance and residual were not influenced by the factors analyzed with R2 less than 1%. The reliability and accuracy of estimates depends on the magnitude of his (co) variances being estimated, and the accuracy of information depends on the volume of data. These results could provide indicators of reliability and accuracy of estimates of potential characteristics under maternal effect in terms of actual data, although its magnitude may differ, due to additional bias, and errors related to the process of collection and flow of information from herds.

**Keywords:** maternal and direct additive genetic effects, population structure, simulation, direct-maternal genetic correlation

## INTRODUÇÃO

Os efeitos maternos são de grande importância quando se avalia o desempenho em gado de corte. Estudos extensivos têm sido conduzidos para quantificar os efeitos maternos sobre diversas características, especialmente aquelas medidas durante o período pré-desmama (Quass e Pollack, 1980; Willham, 1980; Meyer, 1992a,b; Schaeffer, 1993; Robinson, 1996b; Clément et al., 2001; Maniatis e Pollot, 2003; Bijma, 2006).

Willham (1963) discutiu o provável impacto do efeito materno na seleção de características de interesse econômico em bovinos. Segundo Roehe e Kennedy (1993), quando os efeitos genéticos maternos são incluídos no modelo, a informação da genealogia torna-se importante na obtenção de estimativas mais acuradas, entretanto, quando desconsiderada ocorre aumento substancial da variância genética aditiva direta, denotando sua influência sobre as estimativas da variância genética maternal e covariância genética direta-maternal. Clément et al. (2001) sugeriu que dados com genealogia incompleta seja provavelmente a segunda fonte de viés que pode afetar as estimativas de (co)variâncias e segundo Analla et al. (1995), Hanocq et al. (1996) e Tong et al. (1980), a ausência de conectividade genética e deficiente informação genealógica são responsáveis por erros e baixa acurácia na predição do valor genético pelos modelos animal e de touro.

Maniatis e Pollot (2003) observaram que estimativas mais confiáveis de variâncias genéticas direta e maternal e da covariância direta-maternal são proporcionais ao número de registros por mãe, número de gerações presentes nos dados analisados, permitindo assim, concluir que a estrutura dos dados poderia ser um dos fatores determinantes da correlação genética negativa freqüentemente estimada entre efeitos genéticos direto e maternal. Em trabalho pioneiro, Heydarpour et al. (2008) sobre dados simulados, analisando os efeitos do valor real da correlação entre os efeitos genéticos aditivos direto e maternal, da razão entre as variâncias genéticas direta e maternal, e da proporção de mães com informações próprias nos dados, concluíram que a confiabilidade das estimativas de (co)variâncias para características sob efeito maternal foi significativamente reduzida quando a correlação genética foi altamente negativa e a variância genética maternal foi igual ou menor que a variância genética direta.

Dessa forma, objetivou-se estudar os efeitos das magnitudes da correlação genética entre efeitos aditivos direto e maternal, da razão entre as variâncias genéticas

direta e maternal e do ano sobre as estimativas de (co)variâncias em dados simulados de peso à desmama em gado de corte.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

### ***Simulação dos dados***

Foi realizada simulação estocástica de 20 réplicas de um rebanho fechado, em acasalamento aleatório, de 1.000 vacas e 25 touros (população base), não aparentados, não selecionados, amostrados e distribuídos aleatoriamente em 40 grupos de contemporâneos. O processo de simulação da população gerou-se pelo período de 20 anos, sob acasalamento aleatório, aproximando-se de condições reais de campo, a exemplo dos grandes rebanhos zebuínos de corte existentes no Brasil. 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, valor genético individual e diagnóstico negativo de gestação. Em relação aos machos o descarte obedeceu ao valor genético individual.

O processo de seleção aplicado à população simulada contemplou reposição anual de 32% dos touros e 28% das vacas. Até o terceiro ano de simulação, a reposição dos prováveis genitores deu-se 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, o que culminou no estabelecimento de sete gerações sobrepostas através dos 20 anos. Esse processo determinou o nascimento anual de 724 bezerros, distribuídos aleatoriamente em 40 grupos contemporâneos (GC), 20 constituídos por machos e os demais por fêmeas. A distribuição/alocação dos animais nos grupos de contemporâneos foi feita seguindo uma distribuição uniforme, ou seja, cada macho e/ou fêmea tinha igual probabilidade de participar de um dos 20 GC. Para garantir a conexidade genética entre os GC foram impostas restrições sobre os números mínimos e máximo de filhos por touro (min=5; max=80), animais por GC (min=5; max=100), touros por GC (min=2; max=4 a 8), sendo a mesma aferida pelo procedimento proposto por Schaeffer (1996). Nesse processo, para cada ano foi iniciado um processo de amostragem pseudo-aleatória que proporcionou a distribuição dos animais nos GC, usando uma distribuição uniforme para amostrar touro e GC, caso as restrições não fossem atendidas o processo de amostragem pseudo-aleatória era reiniciado. O índice de concepção (IC) variou conforme a idade das vacas, sendo observada a categoria, como exemplo, primíparas, que

representa um dos maiores gargalos nos sistemas produtivos, apresentando reduzidos IC. Os IC foram amostrados conforme consulta de catálogos de diagnósticos da pecuária nacional, como ANUALPEC. No sistema produtivo de gado de corte definido no presente trabalho, determinou-se que, a vida reprodutiva útil das vacas teria como limite os 15 anos, sendo tal idade definida como critério de descarte, conforme pode ser visualizado na Tabela 1. O critério de seleção de machos e fêmeas baseou-se na predição do valor genético aditivo individual.

**Tabela 1.** Número de vacas expostas à reprodução e índice de concepção (IC%) segundo idade (anos) no processo de simulação.

Idade	Vacas expostas	Vacas paridas (IC%)
3	280	224 (80,00)
4	224	112 (50,00)
5	112	89 (79,46)
6	89	71 (70,78)
7	71	56 (78,87)
8	56	44 (78,57)
9	44	35 (79,55)
10	35	28 (80,00)
11	28	22 (78,57)
12	22	17 (77,27)
13	17	13 (76,47)
14	13	09 (69,23)
15	09	04 (44,44)
<b>Total</b>	<b>1.000</b>	<b>724 (72,40)</b>

Como característica sob efeito maternal considerou-se o peso à desmama (*PD*), cujo valor para os machos foi acrescido em 15 kg, em relação às fêmeas. Neste caso a simulação dos efeitos genéticos aditivos direto e maternal foi gerado simultaneamente, já que tais efeitos são geneticamente correlacionados (Schaeffer, 1993), esse processo sustenta-se na decomposição de Cholesky da matriz *G* de (co)variâncias genéticas, a qual pode ser expressa pelo produto de uma matriz vezes sua transposta, isto é:

$$G = \begin{pmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{am} \\ \sigma_{am} & \sigma_m^2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} C_{11} & 0 \\ C_{12} & C_{22} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} C_{11} & C_{12} \\ 0 & C_{22} \end{pmatrix}, \text{ em que } C \text{ é uma matriz triangular inferior com os}$$

valores  $C_{11}$ ,  $C_{12}$  e  $C_{22}$  correspondentes às componentes de variância genética direta ( $\sigma_a^2$ )

( $C_{11}=75; 50; 100$ ) covariância genética direta-maternal ( $\sigma_{am}$ ) ( $C_{12}=0,02; 17,75; 35; -17,75; -35$ ) e variância genética maternal ( $\sigma_m^2$ ) ( $C_{11}=75; 100; 50$ ), respectivamente.

Para o processo de simulação dos dados foram desenvolvidos diversos programas utilizando o sistema de análises estatísticas SAS (2002). O peso a desmama ( $PD$ ) foi simulado segundo o modelo abaixo. O desenvolvimento deste modelo foi proveniente de análises prévias, considerando dados reais e simulados.

$$PD = b_0 + b_1 * idv + b_2 * idv^2 + egc + vga + vgm_v + ap + e$$

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.

Os valores  $egc$ ,  $ap$  e  $e$  foram amostrados de distribuição Normal com média zero e variâncias  $\sigma_{egc}^2$  ( $egc \sim N(0, 450)$ ),  $\sigma_{ap}^2$  ( $ap \sim N(0, 45)$ ) e  $\sigma_e^2$  ( $e \sim N(0, 225)$ ), respectivamente. Esses valores foram provenientes de análise criteriosa de diversos estudos relatados na bibliografia disponível, análises prévias considerando dados reais e simulados. Nas gerações seguintes à população base, os valores genéticos aditivos direto ( $vga$ ) e maternal ( $vgm$ ) de cada indivíduo foram calculados conforme as equações a seguir:

$$vga = 1/2(vga_t + vga_v) + AM_a \quad vgm = 1/2(vgm_t + vgm_v) + AM_m$$

$$AM_a = (z_1 C_{11}) \sqrt{0,5(1 - (F_t + F_v)/2)} \quad AM_m = (z_1 C_{12} + z_2 C_{22}) \sqrt{0,5(1 - (F_t + F_v)/2)}$$

nas quais,  $vga$  = valor genético aditivo direto do bezerro;  $vgm$  = valor genético aditivo maternal do bezerro;  $vga_t$  = valor genético aditivo direto do touro;  $vga_v$  = valor genético aditivo direto da vaca;  $vgm_t$  = valor genético aditivo maternal do touro;  $vgm_v$  = valor genético aditivo maternal da vaca;  $AM_a$ ,  $AM_m$  = contributos da amostragem Mendeliana aleatória aos valores genéticos aditivos direto e maternal, respectivamente;  $z_1$ ,  $z_2$  = desvios normais aleatórios;  $C_{11}$ ,  $C_{12}$ ,  $C_{22}$  = termos da decomposição de Cholesky da matriz  $G$ , correspondentes às componentes  $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_{am}$  e  $\sigma_m^2$ , respectivamente;  $F_t$  e  $F_v$  = coeficientes de consangüinidade do touro (pai) e da vaca (mãe), respectivamente. A partir do quarto ano aconteceram acasalamentos entre parentes, gerando indivíduos com algum grau de consangüinidade, parte dos quais acasalaram a partir do sétimo ano. Os efeitos da amostragem Mendeliana assumiram-se independentes de  $vga_t$ ,  $vga_v$ ,  $vgm_t$  e  $vgm_v$ .



(Bulmer, 1971). A decomposição de Cholesky da matriz de (co)variâncias genética ( $G$ ) foi obtida através da função **root** do *PROC IML* do sistema SAS (2002).

As estimativas de (co)variâncias e as predições de valores genéticos, foram obtidas pelo método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) através de modelo animal unicaráter, usando o aplicativo Máxima Verossimilhança Restrita Livre de Derivadas (MTDFREML) (*Multiple-Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood*), desenvolvido por Boldman *et al.* (1995). A idade da vaca ao parto e o grupo de contemporâneos foram definidos como efeitos fixos.

O modelo linear misto para descrever cada observação, foi:

$$Y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3ap + e$$

em que;  $Y$  = vetor das observações da característica ( $PD$ );  $X$  = matriz de incidência dos efeitos fixos;  $\beta$  = vetor dos efeitos fixos;  $Z_1$  = matriz de incidência do efeito genético aditivo direto de cada animal;  $a$  = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos;  $Z_2$  = matriz de incidência do efeito genético aditivo maternal de cada animal;  $m$  = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos maternais;  $Z_3$  = matriz de incidência do efeito do ambiente permanente maternal;  $ap$  = vetor de efeitos aleatórios do ambiente permanente maternal;  $e$  = vetor de efeitos aleatórios residuais.

As distribuições e matriz de (co)variâncias dos efeitos aleatórios foram assim definidas:

$$E[a] = E[m] = E[ap] = E[e] = 0,$$

$$E[y/a,m,ap] = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3ap$$

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a \\ m \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 \\ A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_v\sigma_{ap}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_N\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

em que;  $\sigma_a^2$  = variância genética aditiva direta;  $\sigma_m^2$  = variância genética aditiva maternal;  $\sigma_{am}$  = covariância genética entre os efeitos aditivos direto e maternal;  $A$  = matriz de parentesco;  $\sigma_{ap}^2$  = variância do ambiente permanente maternal;  $\sigma_e^2$  = variância residual;  $I_v$ ,  $I_N$  = matrizes identidade de ordens  $v$  = número de vacas (mães dos animais com dados) e  $N$  = número total de animais com dados.

### **Cenários simulados**

O Ano foi caracterizado levando em consideração o número de animais envolvidos nos dados, de vacas com informações próprias nos dados, de vacas com bezerros, de animais na matriz de genealogia, o número médio de filhos por vaca, o coeficiente médio de consangüinidade, a proporção de animais na genealogia que são consangüíneos e os efeitos da seleção aplicada. Assim, Possíveis causas de diferenças entre esses pontos podem ser atribuídas ao tamanho amostral (crescente com o tempo), à distribuição das informações de desempenho e estrutura da genealogia, ao efeito acumulativo da seleção prévia, e, em alguma medida, ao acasalamento entre parentes, gerando descendentes consangüíneos a partir do terceiro (3<sup>o</sup>) ano, e conseqüente reprodução dos filhos destes a partir do sétimo (7<sup>o</sup>) ano, ao número médio de filhos por vaca, ao número de vacas com registros de peso à desmama nos dados e ao número de vacas com filhos, conforme pode ser visualizado na Tabela 2. Foram tomados quatro pontos equidistantes no tempo de desenvolvimento da população, representativos do efeito das mudanças da mesma através dos anos (A), os anos escolhidos corresponderam ao quinto, décimo, décimo quinto e vigésimo do desenvolvimento da população simulada.

**Tabela 2.** Estatísticas descritivas dos dados acumulados, em cada ano considerado, nas análises da população simulada<sup>1</sup>.

<b>ANO</b>	<b>N</b>	<b>Cc (%)</b>	<b>Nvp</b>	<b>Nvb</b>	<b>Nag</b>
Ano 5	3.620	0,176 (0,5)	448	1.620	4.833
Ano 10	7.240	0,084 (8,7)	1.568	2.740	8.453
Ano 15	10.860	0,062 (28,2)	2.688	3.860	12.073
Ano 20	14.480	0,061 (43,7)	3.808	4.980	15.693

<sup>1</sup> Número de animais (**N**), coeficiente médio de consangüinidade dos indivíduos consangüíneos (**Cc**), e porcentagem do número médio de animais na genealogia que são consangüíneos (%), número médio de vacas com peso próprio (**Nvp**), número médio de vacas com bezerros (**Nvb**), número médio de animais na genealogia (**Nag**).

Cada cenário foi definido combinando um valor da correlação genética entre os efeitos genéticos aditivos direto e maternal, uma razão entre as variâncias genéticas aditivas direta e maternal e um ano particular no tempo de desenvolvimento da população. Cinco valores de correlação genética entre os efeitos aditivos direto e maternal foram analisados (-0,50; -0,25; zero; +0,25 e +0,50), e três diferentes razões entre as variâncias genéticas direta e maternal foram testadas (75:75; 50:100; 100:50). As razões que levaram à escolha desses valores de correlação foi definida após análise

critérios de grande volume de trabalhos científicos na literatura disponível, que evidenciaram como sendo os valores mais freqüentemente encontrados.

Assim, foram constituídos 60 cenários, definidos pelas combinações das correlações (C), razões entre as variâncias genéticas direta e maternal (R) e os anos (A), (5C x 3R x 4A = 60 cenários).

### **Análise Estatística**

As estimativas de (co)variâncias obtidas em cada por meio análise unicaracter, utilizando-se o aplicativo MTDFREML (Boldman et al., 1995), 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 (i.e.,  $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_{am}$ ,  $\sigma_m^2$ ,  $\sigma_{ap}^2$ );  $\mu$  = média geral;  $C_i$  = efeito do  $i$ -ésimo valor da correlação genética direta-maternal (-0,50; -0,25; zero; +0,25 e +0,50);  $R_j$  = efeito da  $j$ -ésima razão entre variâncias genéticas direta e 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 ( $EP$ )<sup>2</sup> da média das 20 réplicas para cada cenário foi usado como fator de ponderação nas análises. A bondade do ajuste à distribuição Normal dos conjuntos de (co)variâncias estimadas, condição necessária para a correta inferência dos efeitos analisados e suas interações, foi testada mediante o *PROC UNIVARIATE* do SAS (SAS, 2002).

A significância de cada fator sobre as estimativas de (co)variâncias foi testada pelo procedimento *GLM* do SAS (2002). Todos os fatores analisados (C, R e A) foram classificados como efeitos fixos. O erro padrão ( $EP$ ) das estimativas de cada cenário foi utilizado como critério de precisão, e o viés médio como critério de acurácia. O viés foi calculado pela diferença entre os valores estimados para cada estimativa ( $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_{am}$ ,  $\sigma_m^2$ ,  $\sigma_{ap}^2$ ,  $\sigma_e^2$ ) e os valores verdadeiros calculados para a população-base, considerada até o 3º ano, conforme descrito por Sorensen e Kennedy (1984).

## **RESULTADOS E DISCUSSÃO**

### **Fatores que afetam as estimativas de (co)variâncias**

Na análise inicial, a interação entre correlação (C) e razão (R) resultou significativa ( $P < 0,05$ ) sobre as estimativas da variância genética aditiva direta, entretanto, o efeito da correlação não foi significativo ( $P > 0,05$ ), e a contribuição relativa da interação C x R ao coeficiente de determinação do modelo ( $R^2$ ) foi de escassa importância, representando apenas 0,9%. Nenhuma das demais interações foi significativa sobre as outras estimativas ( $\sigma_m^2$ ,  $\sigma_{am}$  e  $\sigma_{ap}^2$ ). As estimativas da variância genética aditiva maternal foram influenciadas pelos efeitos C e R ( $P < 0,001$ ), enquanto a covariância genética direta-maternal foi influenciada pela correlação ( $P < 0,001$ ) e ano ( $P < 0,05$ ). As estimativas da variância de ambiente permanente maternal e variância residual não foram influenciadas por nenhum dos fatores analisados ( $P > 0,05$ ), com coeficiente de determinação do modelo ( $R^2$ ) menor que 1%, discordando dos resultados obtidos por Heydarpour et al. (2008) que encontraram efeito significativo do valor da correlação genética direta-maternal e da razão entre as variâncias genéticas direta e maternal sobre as estimativas dessas variâncias. Explicações para essas discrepâncias podem ser resultantes das diferenças entre as metodologias existentes nos trabalhos, em que no trabalho de Heydarpour et al. (2008) analisou-se duas características, sendo considerada a correlação entre ambas, o processo de simulação não levou em consideração seleção e consangüinidade, e a estrutura dos dados que diferenciou-se pela proporção de mães sem registros de pesos. No presente trabalho analisou-se apenas uma característica, a simulação considerou seleção e consangüinidade, resultando em gerações sobrepostas, o número de réplicas representou 25% do número utilizado por Heydarpour et al. (2008), e a estrutura de dados relacionou-se ao número de animais, composição genealógica, consangüinidade e conexão entre gerações.

Em virtude da escassa contribuição da interação CxR para as estimativas de  $\sigma_a^2$ , ao ajuste do modelo, bem como, dos resultados não significativos ( $P > 0,05$ ) das demais interações para a maioria das estimativas ( $\sigma_{am}$ ,  $\sigma_m^2$ ,  $\sigma_{ap}^2$ ,  $\sigma_e^2$ ), e as variâncias de ambiente permanente maternal e residual não mostrarem-se influenciadas significativamente pelos fatores, bem como os valores de  $R^2$  que foram extremamente baixos, foram realizadas novas análises, considerando-se apenas os efeitos principais, e excluiu-se as variâncias de ambiente permanente maternal e residual. As significâncias dos efeitos sobre as

estimativas de (co)variâncias para peso à desmama, em dados simulados, considerando-se apenas os efeitos principais, são apresentadas na Tabela 3.

**Tabela 3.** Significâncias dos efeitos principais sobre as estimativas de (co)variâncias para a característica *PD*, obtidas a partir de análise unicaráter sob modelo animal.

Efeitos <sup>1</sup>	$\sigma_a^2$	$\sigma_{am}$	$\sigma_m^2$
C	*	**	**
R	**	**	**
A	ns	**	ns
$R^2$	0,530	0,682	0,273

<sup>1</sup>C=correlação genética direta-maternal; R=razão entre variâncias genéticas direta e maternal; A=ano; \* = $p < 0,05$ ; \*\* = $p < 0,001$ ; ns = não significativo; Coeficiente de determinação do modelo,  $R^2 = (SQ_{\text{modelo}} / SQ_{\text{total}})$ .  $\sigma_a^2$  = variância genética aditiva direta;  $\sigma_{am}$  = covariância genética direta-maternal;  $\sigma_m^2$  = variância genética aditiva maternal.

Os efeitos da correlação (C) e razão entre as variâncias (R) resultaram significativos sobre as estimativas de variância genética direta ( $P < 0,05$  e  $P < 0,001$ , respectivamente), maternal ( $P < 0,001$ ) e da covariância genética direta-maternal ( $P < 0,001$ ). Resultados similares foram reportados por Heydarpour et al. (2008), que verificaram efeitos significativos desses fatores sobre estimativas de (co)variâncias para peso à desmama, com dados simulados. O ano influenciou significativamente ( $P < 0,01$ ) somente as estimativas da covariância genética direta-maternal.

Quando o valor da correlação genética direta-maternal foi igual a +0,25, as estimativas de variância genética aditiva direta diferiu das demais ( $P < 0,05$ ). A acurácia das estimativas de variância genética aditiva direta variou conforme modificações dos valores de correlação genética direta-maternal e razão de variâncias, não sendo relacionada com a evolução dos anos. Entretanto, a precisão das estimativas variou conforme a correlação, a razão de variâncias e o ano, apresentando maior precisão à medida que o ano transcorreu. Em estudo similar, Heydarpour et al. (2008), também verificaram maior acurácia para as estimativas de variância genética aditiva direta quando utilizou razão de variâncias, em que a variância genética direta foi menor que a maternal e o valor da correlação genética direta-maternal foi positivo. Analisando vários trabalhos da literatura com dados reais, em características de crescimento de bovinos de corte a variância genética direta é, na maioria das vezes, maior que a maternal, o que possivelmente pode ser consequência de modelos inadequados, ou de falhas nas análises prévias, que estimaram correlações inadequadas. Isso pode assim gerar

conclusões equivocadas das estimativas, e interferir no ganho genético dos rebanhos, uma vez que, de acordo com os diferentes cenários estudados no presente trabalho, as estimativas são extremamente sensíveis aos valores de correlação genética direta-maternal e razão de variâncias.

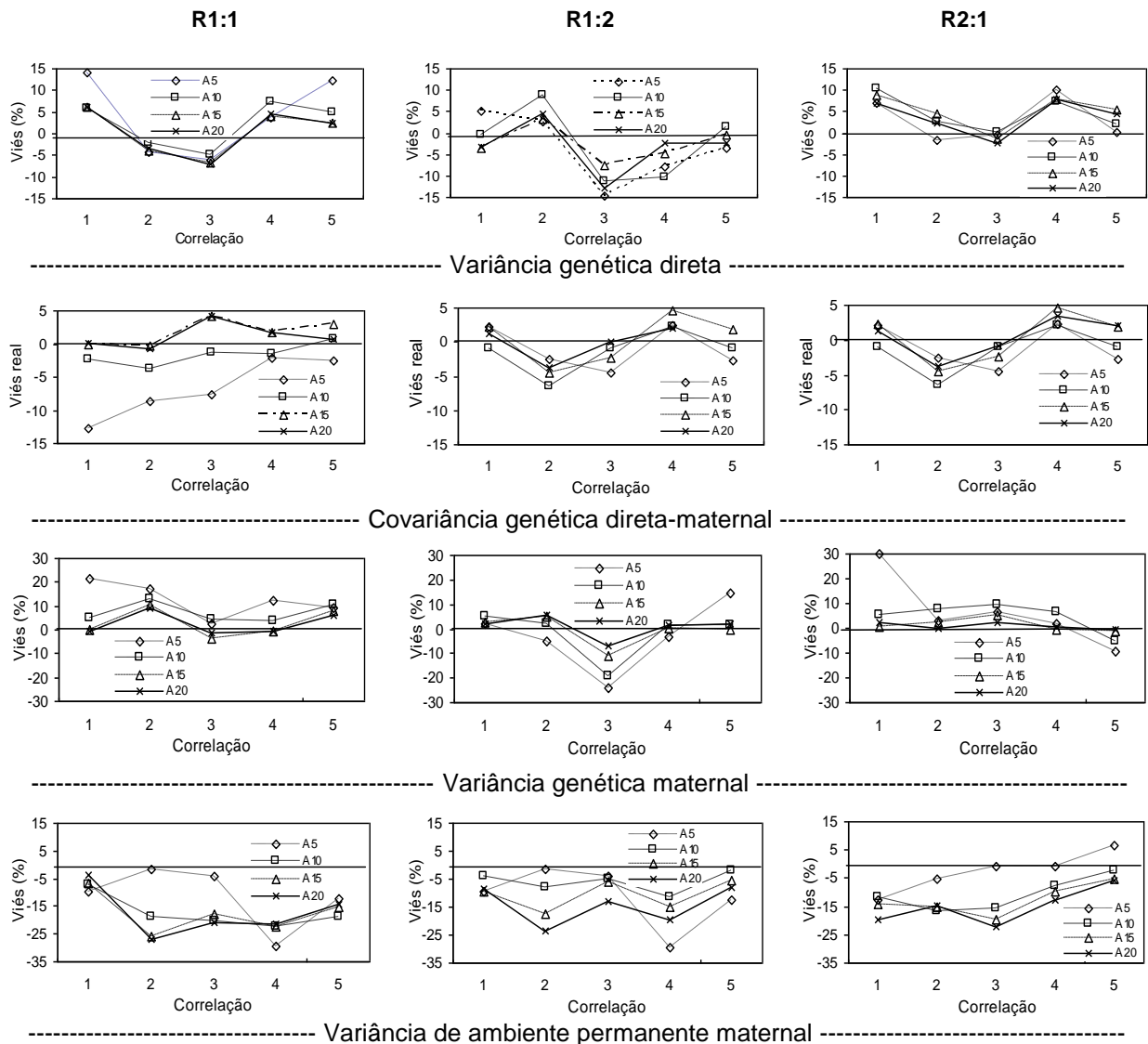
A precisão das estimativas aumentou à medida que os anos evoluíram (Tabela 4). Maniatis e Pollott (2003) encontraram resultados mais precisos e confiáveis quando os dados foram o mais completo possível, apresentando maior conexão entre as gerações, maior número de mães com dados próprios, maior número de bezerras por vaca, maior percentual de consangüinidade média entre os indivíduos, corroborando os resultados desta pesquisa.

**Tabela 4.** Valores do Erro-padrão das estimativas de variância genética direta, segundo os diferentes cenários.

Cenários simulados	C -0,50			C -0,25			C 0,00			C +0,25			C +0,50		
	R1:1	R1:2	R2:1	R1:1	R1:2	R2:1	R1:1	R1:2	R2:1	R1:1	R1:2	R2:1	R1:1	R1:2	R2:1
Ano5	6,28	2,49	5,37	3,73	3,15	5,93	4,97	4,57	5,28	3,76	4,27	6,56	4,89	3,06	6,03
Ano10	5,25	2,32	4,07	2,95	3,29	4,31	4,05	2,56	3,50	3,65	2,77	4,20	4,24	2,79	4,41
Ano15	4,08	2,37	3,93	2,33	2,29	3,95	2,76	2,72	3,13	3,09	2,21	3,35	3,34	2,18	3,57
Ano20	3,25	2,02	3,01	2,15	2,11	3,56	2,47	1,97	2,76	2,79	2,30	2,61	2,58	1,80	3,56

<sup>1</sup>R=razão entre variâncias genéticas direta e maternal; R1:1 (75:75), R1:2 (50:100), R2:1 (100:50). C=correlação genética direta-maternal; Valores da correlação genética direta-maternal: (-0,50), (-0,25), (0,00), (0,25), (0,50). A=ano; Dados acumulados até: Ano5 (5º. Ano), Ano10 (10º. Ano), Ano15 (15º. Ano), Ano20 (20º. Ano).

De modo geral, menores vieses foram obtidos quando a correlação genética direta-maternal foi positiva, e a variância genética maternal foi maior que a direta (Figura 1). No entanto, a acurácia foi dependente dos cenários analisados, refletindo assim dependência direta da composição/estrutura dos dados. Assim, na condição de razão de variâncias R1:1, as estimativas foram todas viesadas, independentemente do valor da correlação genética direta-maternal e ano. Na condição de R2:1 observou-se estimativas mais acuradas, foram obtidas quando a correlação genética direta-maternal foi igual a zero, com maior precisão quando o conjunto de dados foi considerado o mais completo possível (ano 20). No entanto, quando a razão de variâncias considerou superioridade da variância maternal sobre a direta, a confiabilidade e precisão das estimativas foram superiores quando a correlação genética direta-maternal foi positiva e o conjunto de dados foi o mais completo possível (ano 20).



Razões entre as variâncias genéticas direta e maternal: R1:1 (75:75), R1:2 (50:100), R2:1 (100:50).

Valores da correlação genética direta-maternal: 1 (-0,50), 2 (-0,25), 3 (0,00), 4 (0,25), 5 (0,50).

Dados acumulados até: A5 (5º. Ano), A10 (10º. Ano), A15 (15º. Ano), A20 (20º. Ano).

FIGURA 1. Magnitudes do viés das estimativas de variâncias (%), e da covariância direta-maternal (real), segundo valores reais das razões entre as variâncias genéticas direta e maternal, da correlação genética direta-maternal e do ano, estimadas sob modelo animal unicaráter.

Fazendo uma comparação com os resultados freqüentemente encontrados na literatura para dados reais, (correlação genética direta-maternal negativa e variância genética direta maior que a maternal), pode-se afirmar que tanto a acurácia, quanto a precisão das estimativas de variância genética direta podem estar comprometidas, uma vez que foram encontrados os maiores vieses e menor precisão das estimativas (Figura 1 e Tabela 4).

Contudo, neste estudo, quando a correlação genética direta-maternal foi negativa, para todas as razões de variâncias, as estimativas de variância genética aditiva direta apresentaram-se viesadas, seja com tendência de superestimativa e/ou subestimativa. Sugerindo assim, que possivelmente este cenário não seja o mais adequado, sendo possivelmente verdadeira, a condição que a confiabilidade das estimativas de variância genética aditiva direta seja influenciada pela magnitude dos parâmetros genéticos verdadeiros e estrutura dos dados da população em estudo. Gerstmayr (1992) já tinha afirmado que a precisão e acurácia das estimativas de (co)variâncias são dependentes dos valores dos parâmetros iniciais e estrutura dos dados. Sendo assim, a possibilidade de afirmar que as estimativas freqüentemente encontradas, na literatura, sejam acuradas, pode ter levado a condições não verídicas dos parâmetros genéticos, e do provável valor genético dos animais.

As estimativas de variância genética aditiva maternal foram influenciadas pelos valores da correlação genética direta-maternal, observando-se diferenças entre os demais valores quando a correlação variou de negativa a igual a zero ( $P < 0,05$ ). Entretanto, a tendência do viés destas estimativas foi dependente da estrutura dos dados, pois em todos os cenários estudados os valores estimados foram próximos dos verdadeiros, exceção feita à condição  $C=0$  e  $R1:2$  onde se observou tendência de subestimativas. Estimativas mais acuradas foram obtidas quando o máximo de informações, relações genealógicas, número de bezerros por vaca, número de vacas com registro próprio (ano 20) fosse assumido em cada cenário (Figura 1). Sugerindo assim, que as estimativas de variância genética aditiva maternal são dependentes da correlação genética entre os efeitos genéticos aditivos direto-maternal e de dados que apresente maior número de informações, maiores informações genealógicas, entre outras, conferindo assim maior confiabilidade das estimativas. Estes resultados estão em concordância com os estudos de Gerstmayr (1992) que comentou que a confiabilidade das variâncias genéticas aditivas direta e maternal e suas covariâncias são influenciadas pelas magnitudes da correlação genética entre os efeitos direto e maternal e estrutura dos dados, e com as recomendações de Roehe & Kennedy (1993), que para estimativas confiáveis de variância genética aditiva maternal a estrutura genealógica da população é importante, principalmente para a completa separação entre efeitos genéticos aditivos direto e maternal.

Da mesma forma, Hagger and Schneeberger (1995) trabalhando com dados em que foram realizadas restrições na composição genealógica para a formação de



subconjuntos, verificaram que existem certas dificuldades para estimar as (co)variâncias para característica sob efeito maternal, principalmente a variância genética aditiva maternal, verificando-se que estimativas mais confiáveis foram dependentes da composição genealógica dos dados. Adicionalmente, Maniatis e Pollott (2003) afirmaram que resultados mais confiáveis das estimativas de variância genética aditiva maternal foram obtidas quando os dados foram mais completos, apresentando maior conexão entre as gerações, maior número de mães com dados próprios, maior número de bezerros por vaca, maior percentual de consangüinidade média entre os indivíduos.

Quando o ano foi máximo (ano20), a razão de variâncias apresentou diferenças entre as variâncias genéticas direta e maternal (R1:2 e R2:1), e a correlação genética direta-maternal foi diferente de zero foi observado menores vieses para as estimativas de variância genética aditiva maternal (Figura 1). A precisão das estimativas de variância genética aditiva maternal foram extremamente dependente do ano (máximo de informações, relações genealógicas, número de bezerros por vaca, número de vacas com registro próprio, coeficiente de consangüinidade e seleção, entre outros)., demonstrando que a separação adequada de componentes genéticos aditivos direto e maternal tem haver com a composição dos dados, independentemente da acurácia das mesmas estimativas, que mostraram relação direta com a correlação e estrutura dos dados. Tal afirmativa pode ser confirmada, analisando os valores do erro-padrão estimados para cada cenário, em que foram observados menores valores quando  $C=-0,50$  (Tabela 5).

**Tabela 5.** Valores do Erro-padrão das estimativas de variância genética maternal, segundo diferentes cenários.

Cenários simulados	C -0,50			C -0,25			C 0,00			C +0,25			C +0,50		
	R1:1	R1:2	R2:1	R1:1	R1:2	R2:1	R1:1	R1:2	R2:1	R1:1	R1:2	R2:1	R1:1	R1:2	R2:1
Ano5	9,49	8,17	7,86	5,19	9,01	7,91	7,32	6,28	6,66	7,56	7,42	7,46	7,84	5,19	4,44
Ano10	3,62	3,75	2,89	3,93	4,20	3,46	3,94	2,65	2,36	3,18	3,59	3,71	3,33	4,11	1,90
Ano15	2,34	2,39	2,29	2,91	2,90	2,78	2,98	1,85	2,47	2,90	2,58	3,41	2,80	3,32	1,65
Ano20	2,46	2,13	1,75	2,25	2,37	2,50	2,27	1,87	2,46	2,34	2,84	2,72	2,45	2,22	1,66

<sup>1</sup>R=razão entre variâncias genéticas direta e maternal; R1:1 (75:75), R1:2 (50:100), R2:1 (100:50). C=correlação genética direta-maternal; Valores da correlação genética direta-maternal: (-0,50), (-0,25), (0,00), (0,25), (0,50). A=ano ;Dados acumulados até: Ano5 (5º. Ano), Ano10 (10º. Ano), Ano15 (15º. Ano), Ano20 (20º. Ano).

As estimativas de covariância genética direta-maternal foram influenciadas significativamente pelos efeitos de correlação, razão de variâncias e ano ( $P<0,05$ ). Entretanto, a tendência do viés das estimativas foi dependente da estrutura dos dados, pois para cada cenário estudado houve mudanças graduais do viés das estimativas. No

entanto, nos diferentes cenários, estimativas mais acuradas foram obtidas em dados com o máximo de informações disponíveis, etc. (ano), conforme pode ser visualizado na Figura 1. Assim, quando o conjunto de dados a ser analisado apresenta deficiências com relação ao número de mães (vacas) com informações próprias, ao número de conexões entre os registros dos filhos (bezerros) com os dados das mães, proporção de indivíduos e parentes, e aos valores da correlação genética direta-maternal, as estimativas de covariância genética direta-maternal ficam comprometidas. Menores vieses foram obtidos quando a correlação genética direta-maternal foi igual a zero, nas razões de variâncias R1:1 e R2:1, e o ano foi máximo (ano20). Estes resultados estão de acordo com os obtidos por Heydarpour et al. (2008), que verificaram maiores vieses quando a correlação genética direta-maternal foi positiva, e a variância direta maior que a maternal, e maior precisão à medida que os dados genealógicos tornavam-se mais completos, e proporcionava maiores ligações entre registros de mães e filhos.

A precisão das estimativas de covariância genética direta-maternal foi dependente do ano (máximo de informações, relações genealógicas, número de bezerros por vaca, número de vacas com registro próprio, coeficiente de consangüinidade e seleção, entre outros). Situação similar foi evidenciada para a acurácia das mesmas estimativas. Assim, a estimação acurada e precisa da covariância genética direta-maternal tem relação direta com a composição e estrutura dos dados. Tal afirmativa pode ser evidenciada analisando a Figura 1 e Tabela 6

**Tabela 6.** Valores do Erro-padrão das estimativas de covariância genética direta-maternal, segundo diferentes cenários.

Cenários simulados	C -0,50			C -0,25			C 0,00			C +0,25			C +0,50		
	R1:1	R1:2	R2:1	R1:1	R1:2	R2:1	R1:1	R1:2	R2:1	R1:1	R1:2	R2:1	R1:1	R1:2	R2:1
Ano5	6,78	5,01	5,54	4,53	5,74	4,73	3,98	3,65	5,16	4,33	3,67	3,59	4,47	4,36	3,48
Ano10	3,16	2,73	2,45	2,86	3,07	2,43	2,92	1,95	2,17	2,11	2,14	2,85	1,99	2,81	2,11
Ano15	2,33	2,10	2,04	2,38	1,87	2,34	1,58	1,89	1,87	1,81	1,68	2,14	1,79	1,94	1,82
Ano20	2,11	1,68	1,01	1,96	1,66	2,14	1,25	1,60	1,70	1,29	1,89	1,50	1,69	1,33	1,27

<sup>1</sup>R=razão entre variâncias genéticas direta e maternal; R1:1 (75:75), R1:2 (50:100), R2:1 (100:50). C=correlação genética direta-maternal; Valores da correlação genética direta-maternal: (-0,50), (-0,25), (0,00), (0,25), (0,50). A=ano; Dados acumulados até: Ano5 (5º. Ano), Ano10 (10º. Ano), Ano15 (15º. Ano), Ano20 (20º. Ano).

Resultados similares foram discutidos por Gerstmayr (1992) que encontrou resultados de menores erros-padrão das estimativas quando o conjunto de dados analisado apresentava maior grau de conexão genética, maior número de vacas com filhos e maior número de vacas com registros nos dados.

Fazendo uma analogia com os resultados freqüentemente encontrados na literatura para dados reais, covariância genética direta-maternal negativa e variância genética aditiva direta maior que a maternal, pode-se afirmar que a acurácia das estimativas de covariância genética direta-maternal pode estar comprometida, uma vez que nessa condição, no presente trabalho, foi encontrado maior viés para as estimativas (Figura 1). Neste estudo, quando a correlação genética direta-maternal foi negativa, nas razões de variâncias em que houve diferenças das variâncias direta e maternal (R1:2 e R2:1) as estimativas de covariância genética direta-maternal apresentaram-se viesadas, seja com tendência de superestimativa e/ou subestimativa.

As estimativas de variância de ambiente permanente maternal não foram influenciadas significativamente ( $P > 0,05$ ) pelos efeitos de correlação genética, razão de variâncias e ano. Entretanto, o viés das estimativas foi alto e apresentaram em todos os cenários analisados, subestimação (Figura 1). Os resultados encontrados nesta pesquisa divergem dos obtidos por Heydarpour et al. (2008), muito embora, os mesmos, tenham encontrado contradições entre os resultados para as estimativas de variância de ambiente permanente maternal e variância maternal. É fato, que existem dificuldades em separar efeito genético maternal e, de ambiente permanente maternal, e que de certa forma esta separação pode ser dependente da magnitude da covariância genética direta-maternal, da razão entre as variâncias e da própria composição dos dados. A separação entre os componentes maternais, genético e ambiental, requer registros repetidos de vacas e presença de registros de desempenho das mesmas. Assim no presente trabalho, muito embora, à proporção que o ano aumentou, obteve-se maior número de ligações entre os registros de mãe e filhos, aumento da freqüência de registros de uma mesma vaca e do número de animais, isto não foi suficiente para proporcionar estimativas mais acuradas e precisas de variância de ambiente permanente maternal. Corroborando com Maniatis e Pollot (2003) que discutiram que a confiabilidade das estimativas de características sob efeitos maternais, genético e ambiental, é dependente do suficiente número de progênies por fêmea, do número de mães com informações de desempenho da característica analisada, e do número de gerações contidas no conjunto de dados.

O viés das estimativas de variância de ambiente permanente maternal, apresentou-se em todos os cenários subestimado. Estes resultados não divergem de vários trabalhos com dados reais (Meyer, 1997; Bashnagel et al. 1999; Quintanilla et al. 1999; Maniatis e Pollott, 2003; e Cucco et al. 2009) que concluíram que em características sob efeito maternal (peso à desmama) o aumento nas estimativas de herdabilidade maternal, foi

acompanhado de reduções na variância de ambiente permanente maternal. Menores erros-padrão foram obtidos quando a correlação genética direta-maternal foi positiva (dados não apresentados).

Da mesma forma, Maniatis e Pollott (2003) concluíram que quando cada vaca presente nos dados apresentava três ou quatro dados de progênie, observou-se aumento marcante na variância genética aditiva maternal (em torno de 70%), coincidindo com reduções drásticas da variância de ambiente permanente maternal (em torno de 75%). Na estimação de variância genética aditiva maternal utilizam-se todos os registros de vacas e suas progênies presentes na matriz de relacionamento, enquanto que nas estimativas de variância de ambiente permanente maternal são apenas as vacas que possuem progênies com registros, existentes na matriz. Isso vem justificar os resultados de precisão das estimativas encontradas no presente trabalho, uma vez que, verificou-se maior precisão à proporção que o ano aumentou, conforme pode ser visualizado na Tabela 7.

**Tabela 7.** Valores do Erro-padrão das estimativas de variância genética direta, segundo diferentes cenários.

Cenários simulados	C -0,50			C -0,25			C 0,00			C +0,25			C +0,50		
	R1:1	R1:2	R2:1	R1:1	R1:2	R2:1	R1:1	R1:2	R2:1	R1:1	R1:2	R2:1	R1:1	R1:2	R2:1
Ano5	4,58	6,50	4,58	4,93	4,66	5,75	5,06	4,43	4,37	6,68	6,61	6,01	5,15	4,67	3,63
Ano10	1,94	2,15	1,87	2,35	2,46	2,55	2,52	2,22	1,62	2,38	2,82	2,76	2,57	2,12	1,64
Ano15	1,13	1,51	1,46	1,75	1,74	1,88	2,09	1,52	1,31	1,73	1,74	2,47	1,89	1,92	1,58
Ano20	2,28	1,56	1,06	1,47	1,67	1,64	1,71	1,27	1,24	1,33	1,25	2,01	1,61	1,37	1,28

<sup>1</sup>R=razão entre variâncias genéticas direta e maternal; R1:1 (75:75), R1:2 (50:100), R2:1 (100:50). C=correlação genética direta-maternal; Valores da correlação genética direta-maternal: (-0,50), (-0,25), (0,00), (0,25), (0,50). A=ano ;Dados acumulados até: Ano5 (5º. Ano), Ano10 (10º. Ano), Ano15 (15º. Ano), Ano20 (20º. Ano).

Da mesma forma, Heydarpour et al. (2008) demonstraram que os resultados encontrados foram contrastantes com os resultados de variância genética aditiva maternal, ou seja, à medida que as estimativas de variância genética aditiva maternal tornavam-se mais acuradas não foi observado mesma tendência para as estimativa de variância de ambiente permanente maternal. Relatando ainda, que as estimativas de variância de ambiente permanente maternal são dependentes da magnitude da covariância genética direta-maternal presente nos dados, o que de certa forma vem concordar com os dados encontrados no presente trabalho, pois menores vieses foram observados quando a correlação genética direta-maternal foi positiva.

Esses resultados poderiam prover indicativos sobre confiabilidade e precisão potenciais das estimativas sobre dados reais, embora suas magnitudes possam diferir, devido a causas adicionais de viés nos dados reais, como falhas no processo de controle e fluxo das informações dos rebanhos.

## **CONCLUSÕES**

A acurácia das estimativas de variâncias e covariâncias de medidas de crescimento pré-desmama mostraram-se dependentes da magnitude dos valores de correlação genética direta-maternal e razão de variâncias. Considerá-las no modelo de análise, constitui-se de alternativa que contribuem para a acurácia das avaliações. Em contrapartida, dados que apresentem maior número de indivíduos, maior ligação entre mães e filhos e conexão genética não exerceu grande importância sobre a acurácia, no entanto, a precisão das estimativas foi linearmente relacionada.

## **REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

- Anualpec (2007) Anuário da pecuária brasileira. Instituto FNP. Agra FNP Pesquisas Ltda: São Paulo.
- Baschnagel MB, Moll J, Kunzi N (1999) Comparison of models to estimate maternal effects for weaning weight of Swiss Angus cattle fitting a sire\_herd interaction as an additional random effect. *Livest. Prod. Sci.* 60:203–208.
- 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.
- Bulmer MG (1971) The effect of selection on genetic variability. *Am Nat* 105:201-211.
- 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.
- Cucco DC, Ferraz JBS, Pinto LFB, Eler JP, Balieiro JCC, Mattos EC (2009) Genetic parameters for pre-weaning traits in Braunvieh cattle. *Genetics and Molecular Research* 8(1):291-298.

- 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.
- Hagger C and Schneeberger M (1995) Influences of amount of pedigree information on computing time and of model assumptions on restricted maximum-likelihood estimation of population parameters in Swiss Black-Brown Mountain sheep. *J. Anim. Sci.* 73:2213-2219.
- Hanocq E, Boichard D, Foulley JL (1996) A simulation study of the effect of connectedness on genetic trend. *Genet Sel Evol* 28:67-82.
- 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.
- Meyer K (1992b) Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian Beef Cattle. *Liv Prod Sci* 31:179-204.
- Meyer K (1997) Estimates of genetic parameters for weaning weight of beef cattle accounting for direct-maternal environmental covariances. *Liv Prod Sci* 52:187-199.
- Quass RL and Pollack EJ (1980) Mixed model methodology for farm and ranch beef cattle testing programs. *J. Anim. Sci.*, 51:1277-1287.
- Quintanilla R, Varona L, Pujol MR, Piedrafita J (1999) Maternal animal model with correlation between maternal environmental effects of related dams. *J. Anim. Sci.* 77:2904-2917.
- Robinson DL (1996b) Models which might explain negative correlations between direct and maternal genetic effects. *Liv Prod Sci* 45:111-122.
- 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.
- Scafeffer LR (1996) **Animal Breeding**. Jaboticabal, São Paulo. 1996. International course. Disponível em: <http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/LRSsite/lteach.html.pdf>. Acessado em: 20 Junho 2007.
- Sorensen DA, Kennedy BW (1984) Estimation of response to selection using least-

squares and mixed model methodology. *Journal of Animal Science*, 58:1097-1106.

Tong AKW, Kennedy BW, Moxley JE (1980) Potential errors in sire evaluation from regional genetic differences. *J Anim Sci* 72:2568-2577.

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.

### CAPÍTULO 3. EFEITOS DA PROPORÇÃO DE ELOS MÃE-PROGÊNIE E DOS VALORES REAIS DAS (CO)VARIÂNCIAS SOBRE SUAS ESTIMATIVAS PARA PESO A DESMAMA EM BOVINOS DE CORTE.

#### RESUMO

Objetivou-se avaliar os efeitos da magnitude da correlação genética direta-maternal, da razão entre as variâncias genéticas direta e maternal, e da proporção de elos mãe-progênie sobre as estimativas de (co)variâncias de Peso à desmama em gado de corte. Cada registro de Peso à desmama do bezerro, cuja mãe teve seu Peso à desmama como bezerra foi definido como elo mãe-progênie efetivo. Foi realizada simulação estocástica de um rebanho sob seleção por 20 anos, aproximando-se das condições reais de grandes rebanhos zebuínos de corte criados a campo. Cada cenário foi definido combinando um valor de correlação genética direta-maternal (-0,50; -0,25; zero; +0,25 e +0,50), uma razão entre variâncias genéticas direta e maternal (75:75; 50:100; 100:50), e uma proporção de elos mãe-progênie (E) (10%, 30%, 50%, e 70%). Todas as estimativas de (co)variâncias ( $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_{am}$ ,  $\sigma_m^2$ ,  $\sigma_{ap}^2$ , e  $\sigma_e^2$ ) foram influenciadas significativamente pela magnitude da correlação genética direta-maternal ( $P < 0,0001$  e  $P < 0,05$ ). A razão de variâncias (R) não exerceu efeito significativo ( $P > 0,05$ ) sobre as estimativas da covariância genética direta-maternal ( $\sigma_{am}$ ) e variância de ambiente permanente maternal ( $\sigma_{ap}^2$ ) ( $P > 0,05$ ). No entanto, a interação (CxR) foi significativa ( $P < 0,0001$ ) sobre as estimativas de (co)variâncias, apresentando escassa contribuição ao ajuste do modelo (1,11%, 0,61%, 1,71% e 2%) nas estimativas de  $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_{am}$ ,  $\sigma_m^2$  e  $\sigma_e^2$ , respectivamente. As estimativas de variância genética direta ( $\sigma_a^2$ ),  $\sigma_{am}$ ,  $\sigma_{ap}^2$  e variância residual ( $\sigma_e^2$ ) foram influenciadas significativamente ( $P < 0,0001$ ) pela proporção de elos mãe-progênie (E). Foi observada diferenças significativas ( $P < 0,001$ ) entre todas as estimativas de  $\sigma_{am}$  nos diferentes valores de correlação genética entre os efeitos genéticos aditivos direto e maternal. A proporção de elos mãe-progênie (E) não influenciou significativamente as estimativas de Variância maternal ( $\sigma_m^2$ ). As estimativas de variância genética direta, covariância genética direta-maternal, variância genética maternal e variância residual apresentaram maior confiabilidade à medida que a proporção de elos mãe-progênie aumentou. Em todos os cenários analisados verificou-se que as estimativas de variância de ambiente permanente



maternal mostraram-se subestimadas. Para as condições da presente pesquisa, alterações na magnitude e sinal da correlação genética entre os efeitos diretos e maternos, bem como na razão entre as variâncias genéticas direta e maternal e suas interações influenciaram a confiabilidade das estimativas de (co)variâncias para peso à desmama, em bovinos de corte.

**Palavras-chave:** covariância genética direta-maternal, estrutura dos dados, habilidade maternal, parâmetros genéticos.

### CHAPTER 3. EFFECTS OF THE PROPORTION OF MOTHER-PROGENY LINKS AND CORRELATIONS BETWEEN DIRECT AND MATERNAL GENETIC EFFECTS ON THE ESTIMATES OF VARIANCE COMPONENTS FOR WEANING WEIGHT IN BEEF CATTLE.

#### ABSTRACT

The objective was to evaluate the effects of the magnitude of the direct-maternal genetic correlation, the ratio between direct and maternal genetic variances, and the proportion of mother-progeny links on the estimates of (co) variances for weaning weight in beef cattle. Each record of the weaning weight of calf, whose mother had their weight as weaning heifer was set to link parent-progeny effective. Stochastic simulation was carried out from a herd under selection for 20 years, closer to the actual conditions of large herds of zebu cattle bred cutting the field. Each scenario was defined by combining a value of direct-maternal genetic correlation (-0.50, -0.25; zero, +0.25 and +0.50), a ratio between direct and maternal genetic variances (75:75; 50:100, 100:50), and a bond of mother-progeny (E) (10%, 30%, 50% and 70%). All estimates of (co) variance ( $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_{am}$ ,  $\sigma_m^2$ ,  $\sigma_{ap}^2$ , e  $\sigma_e^2$ ) were significantly influenced by the magnitude of the direct-maternal genetic correlation ( $P < 0.0001$  and  $P < 0.05$ ). The ratio of variances (R) had no significant effect ( $P > 0.05$ ) on the estimates of direct-maternal genetic covariance ( $\sigma_{am}$ ) maternal permanent environmental variance ( $\sigma_{ap}^2$ ) ( $P > 0,05$ ). However, the interaction (CxR) was significant ( $P < 0.0001$ ) on the estimates of (co) variances, showing little contribution to the fit of the model (1.11%, 0.61%, 1.71% and 2 %) in estimates of  $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_{am}$ ,  $\sigma_m^2$  e  $\sigma_e^2$ , respectively. Estimates of direct genetic variance and residual variance were influenced significantly ( $P < 0.0001$ ) the proportion of mother-progeny links (E). We observed significant differences ( $P < 0.001$ ) between all estimates of the different values of genetic correlation between direct genetic effect and maternal. The proportion of mother-progeny links (E) did not significantly influence the estimates of maternal genetic variance. Estimates of direct genetic variance, direct-maternal genetic covariance, maternal genetic variance and residual variance showed greater reliability as the proportion of mother-links progeny increased. In all scenarios examined it was found that estimates of maternal permanent environmental variance appeared to be underestimated. For the conditions of this study, changes in

magnitude of the genetic correlation between direct and maternal effects as well as the ratio between direct and maternal genetic variances and their interactions influence the reliability of estimates of (co) variances for weaning weight in beef cattle.

**Keywords:** data structure, direct-maternal genetic covariance, maternal ability, genetic parameters.

## INTRODUÇÃO

O desempenho pré-desmama de bovinos é influenciado pelo genótipo do indivíduo (efeito genético aditivo direto), pelo genótipo da mãe para caracteres maternos e pelos correspondentes efeitos ambientais, maternal permanente e temporário (Hohenboken e Brinks, 1971; Willham, 1972). Muitos estudos têm mostrado existência de antagonismo entre os componentes genéticos aditivos direto e maternal (Meyer, 1992; Robinson, 1996). Para otimizar o progresso genético na fase até a desmama, nos programas de melhoramento genético, ambos componentes, direto e maternal, devem ser considerados, entretanto, tem-se encontrado estimativas negativas da correlação genética negativa entre estes componentes.

Meyer (1992) apontou possíveis causas do aparente antagonismo entre efeitos genéticos direto e maternal, destacando-se: estrutura dos dados, deficiente formação de grupos contemporâneos, heterogeneidade de variâncias, e em certos casos, a falta de formação de grupos genéticos e pressuposição de ausência de covariância entre efeitos genéticos e ambientais permanentes.

Gerstmayr (1992) e Maniatis e Pollott (2003) determinaram que as estimativas dos efeitos genéticos direto e maternal e da covariância genética entre eles são altamente dependentes do número de mães e avós maternas com dados, e do número de gerações presentes nos dados analisados. Assim, limitações na estrutura dos dados pode ser um dos fatores determinantes da correlação genética negativa freqüentemente estimada entre efeitos direto e maternal.

Assim, objetivou-se estudar o efeito da composição dos dados sobre as estimativas de (co)variâncias para característica sob efeito maternal, analisando:

- a) magnitude da correlação genética entre os efeitos direto e maternal;
- b) razão entre as variâncias genéticas direta e maternal;
- c) proporção de elos entre dados da mãe e da progênie (mãe-filho com medidas do caráter).

## MATERIAL E MÉTODOS

### *Simulação dos dados*

Foi realizada simulação estocástica de 20 réplicas de um rebanho fechado, em acasalamento aleatório, de 1.000 vacas e 25 touros (população base), não aparentados, não selecionados, amostrados e distribuídos aleatoriamente em 40 grupos de

contemporâneos. O processo de simulação da população gerou-se pelo período de 20 anos, sob acasalamento aleatório, aproximando-se de condições reais de campo, a exemplo dos grandes rebanhos zebuínos de corte existentes no Brasil. 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, valor genético individual e diagnóstico negativo de gestação. Em relação aos machos o descarte obedeceu ao valor genético individual.

O processo de seleção aplicado à população simulada contemplou reposição anual de 32% dos touros e 28% das vacas. Até o terceiro ano de simulação, a reposição dos prováveis genitores deu-se 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, o que culminou no estabelecimento de sete gerações sobrepostas através dos 20 anos. Esse processo determinou o nascimento anual de 724 bezerros, distribuídos aleatoriamente em 40 grupos contemporâneos (GC), 20 constituídos por machos e os demais por fêmeas. A distribuição/alocação dos animais nos grupos de contemporâneos foi feita seguindo uma distribuição uniforme, ou seja, cada macho e/ou fêmea tinha igual probabilidade de participar de um dos 20 GC. Para garantir a conexidade genética entre os GC foram impostas restrições sobre os números mínimos e máximo de filhos por touro (min=5; max=80), animais por GC (min=5; max=100), touros por GC (min=2; max=4 a 8), sendo a mesma aferida pelo procedimento proposto por Schaeffer (1996). Nesse processo, para cada ano foi iniciado um processo de amostragem pseudo-aleatória que proporcionou a distribuição dos animais nos GC, usando uma distribuição uniforme para amostrar touro e GC, caso as restrições não fossem atendidas o processo de amostragem pseudo-aleatória era reiniciado. O índice de concepção (IC) variou conforme a idade das vacas, sendo observada a categoria, como exemplo, primíparas, que representa um dos maiores gargalos nos sistemas produtivos, apresentando reduzidos IC. Os IC foram amostrados conforme consulta de catálogos de diagnósticos da pecuária nacional, como ANUALPEC. No sistema produtivo de gado de corte definido no presente trabalho, determinou-se que, em média, a vida reprodutiva útil das vacas seria de 15 anos, sendo tal idade definida como critério limite de descarte, conforme pode ser visualizado na Tabela 1. O critério de seleção de machos e fêmeas baseou-se no valor genético individual.

**Tabela 1.** Número de vacas expostas à reprodução e índice de concepção (IC%) segundo idade (anos) no processo de simulação.

Idade	Vacas expostas	Vacas paridas (IC%)
3	280	224 (80,00)
4	224	112 (50,00)
5	112	89 (79,46)
6	89	71 (70,78)
7	71	56 (78,87)
8	56	44 (78,57)
9	44	35 (79,55)
10	35	28 (80,00)
11	28	22 (78,57)
12	22	17 (77,27)
13	17	13 (76,47)
14	13	09 (69,23)
15	09	04 (44,44)
<b>Total</b>	<b>1.000</b>	<b>724 (72,40)</b>

Como característica sob efeito maternal considerou-se o peso à desmama (*PD*), cujo valor para os machos foi acrescido em 15 kg, em relação às fêmeas. Neste caso a simulação dos efeitos genéticos aditivos direto e maternal foi gerado simultaneamente, já que tais efeitos são geneticamente correlacionados (Schaeffer, 1996), esse processo sustenta-se na decomposição de Cholesky da matriz *G* de (co)variâncias genéticas, a qual pode ser expressa pelo produto de uma matriz vezes sua transposta, isto é:

$$G = \begin{pmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{am} \\ \sigma_{am} & \sigma_m^2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} C_{11} & 0 \\ C_{12} & C_{22} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} C_{11} & C_{12} \\ 0 & C_{22} \end{pmatrix}, \text{ em que } C \text{ é uma matriz triangular inferior com os}$$

valores  $C_{11}$ ,  $C_{12}$  e  $C_{22}$  correspondentes às componentes de variância genética direta ( $\sigma_a^2$ ) ( $C_{11}=75; 50; 100$ ) covariância genética direta-maternal ( $\sigma_{am}$ ) ( $C_{12}=0,0; 17,75; 35; -17,75; -35$ ) e variância genética maternal ( $\sigma_m^2$ ) ( $C_{11}=75; 100; 50$ ), respectivamente.

Para o processo de simulação dos dados foram desenvolvidos diversos programas utilizando o sistema de análises estatísticas SAS (2002). O peso à desmama (*PD*) foi simulado segundo o modelo abaixo. O desenvolvimento deste modelo foi proveniente de análises prévias, considerando dados reais e simulados.

$$PD = b_0 + b_1 * idv + b_2 * idv^2 + egc + vga + vgm + ap + e$$

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;  $vgm_v$  = valor genético aditivo maternal da vaca (mãe);  $ap$  = efeito ambiental permanente maternal;  $e$  = efeito residual.

Os valores  $egc$ ,  $ap$  e  $e$  foram amostrados de distribuição Normal com média zero e variâncias  $\sigma_{egc}^2$  ( $egc \sim N(0, 450)$ ),  $\sigma_{ap}^2$  ( $ap \sim N(0, 45)$ ) e  $\sigma_e^2$  ( $e \sim N(0, 225)$ ), respectivamente. Esses valores foram provenientes de análise criteriosa de diversos estudos relatados na bibliografia disponível, análises prévias considerando dados reais e simulados. Nas gerações seguintes à população base, os valores genéticos aditivos direto ( $vga$ ) e maternal ( $vgm$ ) de cada indivíduo foram calculados conforme as equações a seguir:

$$vga = 1/2(vga_t + vga_v) + AM_a \quad vgm = 1/2(vgm_t + vgm_v) + AM_m$$

$$AM_a = (z_1 C_{11}) \sqrt{0,5(1 - (F_t + F_v)/2)} \quad AM_m = (z_1 C_{12} + z_2 C_{22}) \sqrt{0,5(1 - (F_t + F_v)/2)}$$

nas quais,  $vga$  = valor genético aditivo direto do bezerro;  $vgm$  = valor genético aditivo maternal do bezerro;  $vga_t$  = valor genético aditivo direto do touro;  $vga_v$  = valor genético aditivo direto da vaca;  $vgm_t$  = valor genético aditivo maternal do touro;  $vgm_v$  = valor genético aditivo maternal da vaca;  $AM_a$ ,  $AM_m$  = contributos da amostragem Mendeliana aleatória aos valores genéticos aditivos direto e maternal, respectivamente;  $z_1$ ,  $z_2$  = desvios normais aleatórios;  $C_{11}$ ,  $C_{12}$ ,  $C_{22}$  = termos da decomposição de Cholesky da matriz  $G$ , correspondentes às componentes  $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_{am}$  e  $\sigma_m^2$ , respectivamente;  $F_t$  e  $F_v$  = coeficientes de consangüinidade do touro (pai) e da vaca (mãe), respectivamente. A partir do quarto ano aconteceram acasalamentos entre parentes, gerando indivíduos com algum grau de consangüinidade, parte dos quais acasalaram a partir do sétimo ano. Os efeitos da amostragem Mendeliana assumiram-se independentes de  $vga_t$ ,  $vga_v$ ,  $vgm_t$  e  $vgm_v$  (Bulmer, 1971). A decomposição de Cholesky da matriz de (co)variâncias genética ( $G$ ) foi obtida através da função **root** do *PROC IML* do sistema SAS (2002).

As estimativas de (co)variâncias e as predições de valores genéticos, foram obtidas pelo método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) através de modelo animal unicaráter, usando o aplicativo Máxima Verossimilhança Restrita Livre de Derivadas (MTDFREML) (*Multiple-Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood*), desenvolvido por Boldman *et al.* (1995). A idade da vaca ao parto e o grupo de contemporâneos foram definidos como efeitos fixos.

O modelo linear misto para descrever cada observação, foi:

$$Y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3ap + e$$

em que;  $Y$  = vetor das observações da característica ( $PD$ );  $X$  = matriz de incidência dos efeitos fixos;  $\beta$  = vetor dos efeitos fixos;  $Z_1$  = matriz de incidência do efeito genético aditivo direto de cada animal;  $a$  = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos;  $Z_2$  = matriz de incidência do efeito genético aditivo maternal de cada animal;  $m$  = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos maternos;  $Z_3$  = matriz de incidência do efeito do ambiente permanente maternal;  $ap$  = vetor de efeitos aleatórios do ambiente permanente maternal;  $e$  = vetor de efeitos aleatórios residuais.

As distribuições e matriz de (co)variâncias dos efeitos aleatórios foram assim definidas:

$$E[a] = E[m] = E[ap] = E[e] = 0,$$

$$E[y/a,m,ap] = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3ap$$

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a \\ m \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 \\ A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_v\sigma_{ap}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_N\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

em que;  $\sigma_a^2$  = variância genética aditiva direta;  $\sigma_m^2$  = variância genética aditiva maternal;  $\sigma_{am}$  = covariância genética entre os efeitos aditivos direto e maternal;  $A$  = matriz de parentesco;  $\sigma_{ap}^2$  = variância do ambiente permanente maternal;  $\sigma_e^2$  = variância residual;  $I_v$ ,  $I_N$  = matrizes identidade de ordens  $v$  = número de vacas (mães dos animais com dados) e  $N$  = número total de animais com dados.

### **Cenários simulados**

Cada registro de peso à desmama do bezerro, cuja mãe teve seu peso à desmama como bezerra, foi definido como **elo mãe-progênie** efetivo. Assim, só existiriam 100% de elos mãe-progênie, se todas as mães tivessem pesos como bezerras, condição impossível de se obter em dados reais, e nem sobre dados simulados sob os pressupostos assumidos no presente trabalho. A análise dos dados acumulados até o 20º ano permitiu determinar que a proporção de elos mãe-progênie foi de 71,5% (10.349 elos / 14.480 observações totais), correspondentes a 3.808 vacas (76,5%) do total de 4.980, e assumiu-se esse conjunto como 70% de elos mãe-progênie. Assim, no conjunto geral,



existem 4.131 elos sem peso à desmama da mãe. A distribuição do número de vacas, filhos, elos e percentual dos mesmos existentes na composição arquivo de dados acumulados até o 20º ano, correspondentes a 3.808 vacas é apresentada na Tabela 2.

Com base nesses dados foram gerados arquivos com 50%, 30% e 10% de elos mãe-progênie, segundo o procedimento a seguir. Para a caracterização de cada um destes percentuais (50%, 30% e 10% de elos mãe-progênie) foi realizado sobre o arquivo geral (70%), a quebra do elo entre o registro do filho e o registro da mãe, para tal foram zeradas as informações de peso das mães. Assim, o arquivo com 10% elos mãe-progênie foi formado com (533 mães com peso), para o arquivo 30% (1.599 mães com peso), e arquivo 50% (2.663 mães com peso). A Tabela 3 representa como a proporção de elos mãe-progênie 10% foi constituída. Nas definições das proporções de elos mãe-progênie foram levadas em consideração as mesmas proporções de número de filhos por idade da vaca pré-estabelecidos no conjunto base (ano20). Esse processo foi desenvolvido de maneira que as vacas cujos pesos foram zerados foram definidas de forma aleatória dentro de cada classe de idade para cada uma das 20 réplicas simuladas, mantendo idêntica a estrutura genealógica dos quatro arquivos através das 20 réplicas. Em todas as proporções de elos mãe-progênie definidas (10%, 30%, 50% e 70%) foram mantidas as mesmas proporções de vacas, segundo sua idade, com igual número de filhos.

**Tabela 2.** Proporção de elos mãe-progênie efetivos, segundo número médio de filhos por vaca, no arquivo total (20º ano).

<i>Nº de vacas (V)</i>	<i>Nº de filhos (F)</i>	<i>Nº de Elos (VxF)</i>	<i>Proporção de Elos (%)</i>
2016	1	2016	19,48
457	2	914	8,83
341	3	1023	9,89
266	4	1064	10,28
200	5	1000	9,66
143	6	858	8,29
105	7	735	7,10
82	8	656	6,34
62	9	558	5,39
45	10	450	4,35
37	11	407	3,93
34	12	408	3,94
20	13	260	2,51
3808	-	10349	100%

**Tabela 3.** Distribuição das 533 vacas com pesos, para se gerar o arquivo com 10 % de elos mãe-progênie.

Nº de vacas	Nº de filhos	Nº de elos
282	1	282
64	2	128
48	3	144
37	4	148
28	5	140
20	6	120
15	7	105
11	8	88
9	9	81
6	10	60
5	11	55
5	12	60
3	13	39
533	-	1.565

A composição das diferentes proporções de elos mãe-progênie, segundo o número de vacas com peso e número de elos para cada arquivo são apresentadas na Tabela 4.

**Tabela 4.** Número de vacas e número de elos em cada arquivo, segundo a proporção de elos mãe-progênie.

Proporção de elos mãe-progênie	Nº de vacas	Nº de elos
10%	533	1.565
30%	1.599	4.347
50%	2.663	7.239
70%	3.808	10.349

Cada cenário foi definido combinando um valor da correlação genética entre os efeitos aditivos direto e maternal (C), uma razão entre as variâncias genéticas aditivas direta e maternal (R), e uma proporção de elos mãe-progênie (E). Foram definidos cinco valores de correlação genética (-0,50; -0,25; 0,00; +0,25; +0,50), três razões entre as variâncias direta e maternal (75:75; 50:100; 100:50), e quatro proporções de elos mãe-progênie (10%; 30%; 50%; 70%), constituindo-se assim 60 cenários (5C x 3R x 4E = 60).

### **Análise Estatística**

As estimativas de (co)variâncias obtidas em cada por meio análise unicaracter, utilizando-se o aplicativo MTDFREML (Boldman et al., 1995), foram analisadas individualmente, conforme o modelo:

$$Y_{ijkl} = \mu + C_i + R_j + E_k + (2 - \text{Interações}) + (3 - \text{Interação}) + e_{ijkl}$$

em que;  $Y_{ijkl}$  = Estimativas de (co)variâncias de interesse (i.e.,  $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_{am}$ ,  $\sigma_m^2$ ,  $\sigma_{ap}^2$ );  $\mu$  = média geral;  $C_i$  = efeito do i-ésimo valor da correlação genética direta-maternal; (-0,50; -0,25; zero; +0,25 e +0,50);  $R_j$  = efeito da j-ésima razão entre variâncias direta e maternal (75:75; 50:100; 100:50);  $E_k$  = efeito da k-ésima proporção de elos mãe-progênie (10%, 30%, 50% e 70%); Interações Duplas =  $C_i \times R_j$ ,  $C_i \times E_k$  e  $R_j \times E_k$ ; Interação Tripla =  $C_i \times R_j \times E_k$ ;  $e_{ijkl}$  = efeito residual aleatório.

O erro padrão quadrático ( $EP$ )<sup>2</sup> da média das 20 réplicas para cada cenário foi usado como fator de ponderação nas análises. A bondade do ajuste à distribuição Normal dos conjuntos de (co)variâncias estimadas, condição necessária para a correta inferência dos efeitos analisados e suas interações, foi testada mediante o *PROC UNIVARIATE* do SAS (SAS, 2002). A significância de cada fator sobre as estimativas de (co)variâncias foi testada pelo procedimento *GLM* do SAS (2002). Todos os fatores analisados (C, R e A) foram classificados como efeitos fixos. O erro padrão ( $EP$ ) das estimativas de cada cenário foi utilizado como critério de precisão, e o viés médio como critério de acurácia. O viés foi calculado pela diferença entre os valores estimados para cada estimativa ( $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_{am}$ ,  $\sigma_m^2$ ,  $\sigma_{ap}^2$ ,  $\sigma_e^2$ ) e os valores verdadeiros calculados para a população-base, considerada até o 3<sup>o</sup> ano, conforme descrito por Sorensen e Kennedy (1984).

## **RESULTADOS E DISCUSSÃO**

### **Fatores que afetam as estimativas de (co)variâncias**

As análises prévias demonstraram que todos os dados (variâncias) apresentaram ajuste à distribuição Normal e homocedasticidade. Para a submissão dos dados à análise de variância (ANOVA) adotou-se o erro padrão quadrático como ponderador, uma vez que nas estimativas de variâncias existe um erro associado. Os resultados das análises de variâncias sobre as (co)variâncias estimadas, para a característica peso à desmama (PD) de bovinos de corte, estão sumarizados na Tabela 5. Todas as estimativas de (co)variâncias ( $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_{am}$ ,  $\sigma_m^2$ ,  $\sigma_{ap}^2$ , e  $\sigma_e^2$ ) foram influenciadas significativamente pela magnitude da correlação genética direta-maternal ( $P < 0,0001$  e  $P < 0,05$ ). A razão de variâncias (R) não exerceu efeito significativo ( $P > 0,05$ ) sobre as estimativas da

covariância genética direta-maternal ( $\sigma_{am}$ ) e variância de ambiente permanente maternal ( $\sigma_{ap}^2$ ) ( $P>0,05$ ). No entanto, a interação (CxR) foi significativa ( $P<0,0001$ ) sobre as estimativas de (co)variâncias, apresentando escassa contribuição ao ajuste do modelo (1,11%, 0,61%, 1,71% e 2%) nas estimativas de  $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_{am}$ ,  $\sigma_m^2$  e  $\sigma_e^2$ , respectivamente. Nas estimativas de  $\sigma_{ap}^2$  a interação CxR exerceu influência significativa ( $P<0,0001$ ) com contribuição de 5,28% ao ajuste do modelo ( $R^2$ ), possivelmente devido às diferenças observadas para os valores de correlação.

As estimativas de variância genética direta ( $\sigma_a^2$ ), covariância genética direta-maternal, variância de ambiente permanente maternal e variância residual ( $\sigma_e^2$ ) foram influenciadas significativamente ( $P<0,0001$ ) pela proporção de elos mãe-progênie, entretanto, a mesma não influenciou significativamente as estimativas de variância genética aditiva maternal.

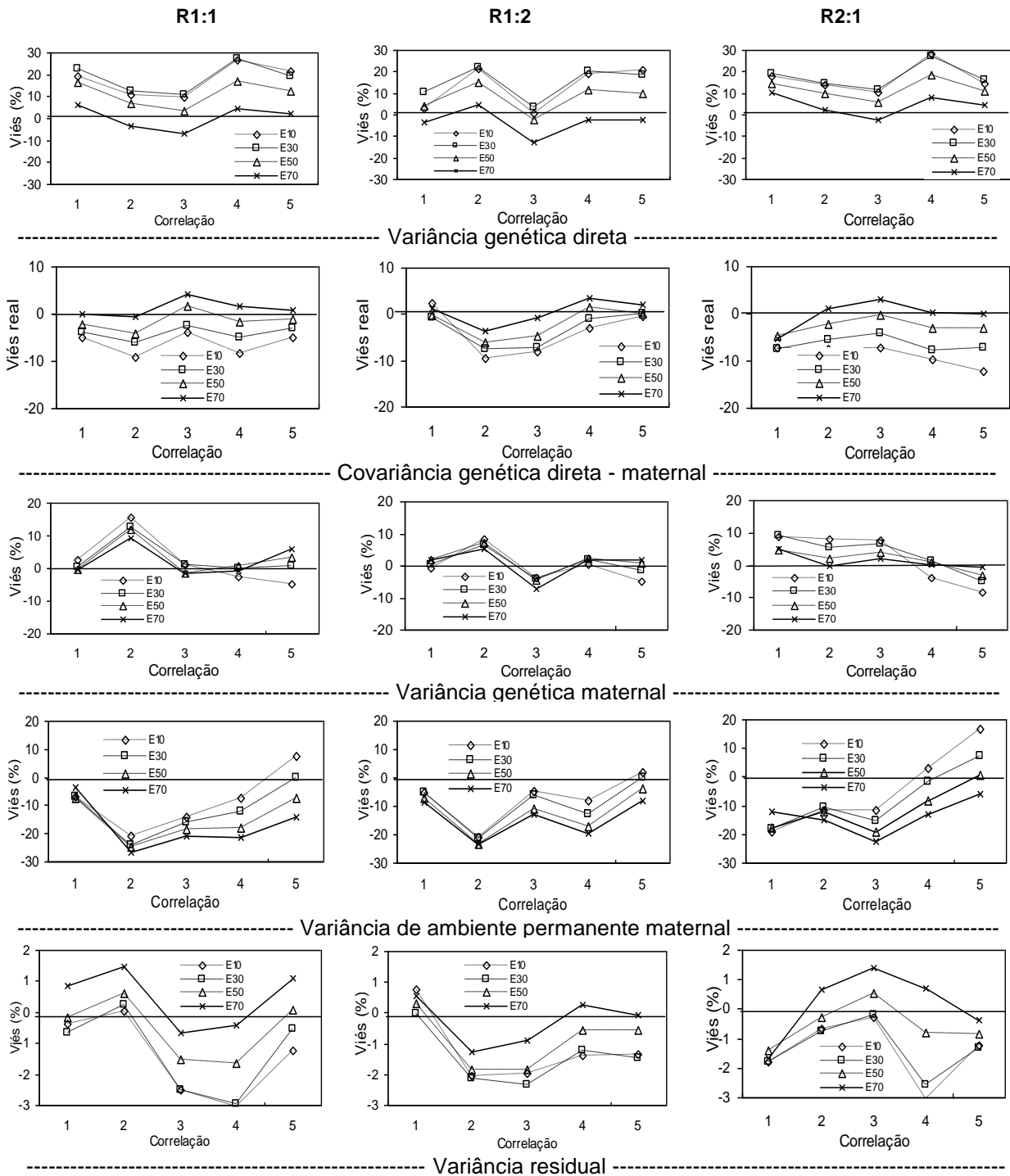
**Tabela 5.** Significâncias dos efeitos sobre as estimativas de (co)variâncias, para a característica PD em bovinos.

<b>Efeitos</b>	$\sigma_a^2$	$\sigma_{am}$	$\sigma_m^2$	$\sigma_{ap}^2$	$\sigma_e^2$
<b>C</b>	***	***	***	***	*
<b>R</b>	***	ns	***	*	*
<b>E</b>	***	***	ns	***	*
<b>CxR</b>	***	***	***	***	***
<b>CxE</b>	ns	ns	ns	ns	ns
<b>RxE</b>	ns	ns	ns	ns	ns
<b>CxRxE</b>	ns	ns	ns	ns	ns
<b>R<sup>2</sup></b>	0,697	0,879	0,753	0,217	0,075

\*\*\*  $P<0,0001$ ; \*  $P<0,05$ , C = Correlação genética direta-maternal; R = Razão entre as variâncias genéticas direta e maternal; E = Proporção de elo mãe-progênie; CxR = Interação Correlação x Razão; CxE = Interação Correlação x Proporção de elos; RxE = Interação Razão x Proporção de elos; CxRxE = Interação Correlação x Razão x Proporção de elos; ns = Não significativo;  $R^2$  (Coeficiente de Determinação do Modelo) = (SQmodelo / SQtotal).

As estimativas de variância genética aditiva direta foram influenciadas significativamente pela magnitude da correlação genética direta-maternal (C) ( $P<0,001$ ), apresentando maior acurácia quando o valor de C foi zero, a variância direta maior que a maternal e a proporção de elos mãe-progênie máxima (E70%), conforme pode ser visualizado na Figura 1. As estimativas de variância genética direta foram mais acuradas à medida que a proporção de elos mãe-progênie aumentou, entretanto, a precisão das estimativas não se relacionou à variação do aumento da proporção de elos mãe-progênie

(dados não mostrados).



Razões entre as variâncias genéticas direta e maternal: R1:1 (75:75), R1:2 (50:100), R2:1 (100:50).

Valores da correlação genética direta-maternal: 1 (-0,55), 2 (-0,25), 3 (0,00), 4 (0,25), 5 (0,50).

Proporção de elos mãe-progênie: E10 (10%), E30 (30%), E50 (50%), E70 (70%).

FIGURA 1. Magnitudes do viés das estimativas de variâncias (%), e da covariância direta-maternal (real), segundo valores reais das razões entre as variâncias genéticas direta e maternal, da correlação genética direta-maternal e da proporção de elos mãe-progênie, estimadas sob modelo animal unicaráter.

Comparando-se os valores de erro-padrão (EP), estes foram maiores quando a

correlação genética direta-maternal (C) foi negativa, e menor quando positiva. Esses resultados estão em acordo com os apresentados por Heydarpour et al. (2008), que verificaram que a precisão das estimativas de variância genética aditiva direta não foi afetada pelo aumento no número de vacas com registros, e que maiores valores de EP foram verificados quando C foi negativa, em detrimento de C positiva. Para todas as razões de variâncias analisadas, quando a correlação genética direta-maternal foi negativa, maiores vieses foram encontrados (Figura 1). Assim, se a condição de C negativa e razão de variância, em que a direta é maior que a maternal, fosse considerada como verdadeira as estimativas de variância genética aditiva direta apresentariam viés, com tendência de superestimativa desta variância.

Quando a proporção de elos mãe-progênie aumentou de 10% para 70%, a correlação genética direta-maternal foi positiva e a variância genética maternal foi maior que a direta, as estimativas de variância genética maternal apresentaram maior confiabilidade. As estimativas de variância genética aditiva maternal foram dependentes da magnitude dos valores de correlação genética direta-maternal, apresentando estimativas mais acuradas quando a correlação genética direta-maternal foi positiva, a variância direta maior que a maternal e a proporção de elos mãe-progênie foi máxima (Figura 1).

A precisão das estimativas de variância genética aditiva maternal foi dependente da magnitude da correlação genética direta-maternal e razão de variâncias, obtendo-se menores EP quando C foi positiva e a variância direta maior que a maternal (dados não mostrados). Entretanto, foi observado que a precisão das estimativas não foi dependente pela proporção de elos mãe-progênie, apresentando-se em desacordo com os obtidos por Heydarpour et al. (2008) e Gerstmayr (1992) que encontraram estimativas mais precisas à medida que os dados apresentavam maior número de vacas (mães) com registro próprio. Da mesma forma, Maniatis e Pollott (2003) observaram que quando se tem pequeno número de progênie por vaca e limitado número de vacas com registros nos dados, as estimativas de variância genética aditiva maternal ficam comprometidas.

Estimativas acuradas e precisas da covariância genética direta-maternal foram obtidas quando C foi positiva, a variância genética direta foi maior que a maternal, e a proporção de elos mãe progênie foi máxima (E70%). Estes resultados podem ser explicados, pelos enunciados de Willham (1980) que indicou que a estimação de efeitos maternos e da covariância direta-maternal são inerentemente problemáticas, devido à expressão desses efeitos distanciarem uma geração, sugerindo que um número suficiente

de pares de registros de mãe-progênie poderia melhorar a separação dos efeitos direto e maternal. Como complementar, Roehe e Kennedy (1993) analisando três milhões de registros, apresentando apenas 100 pares de registros de mãe e progênie demonstraram que a confiabilidade das estimativas da covariância genética direta-maternal ficou prejudicada, em face da baixa relação de ligação genética entre as gerações presentes no conjunto de dados. A Figura 1 apresenta o viés real das estimativas de covariância genética direta-maternal para a característica peso à desmama em bovinos de corte, utilizando dados simulados.

Heydarpour et al. (2008) encontraram resultados parcialmente similares, verificando estimativas mais confiáveis quando a proporção de informações de registro das vacas foi maior e a correlação genética direta maternal foi positiva. Quando o valor de C foi igual a zero observaram-se tendências de subestimativas e superestimativas de covariância genética direta-maternal, em todas as razões de variâncias estabelecidas, demonstrando que nestas condições a acurácia foi dependente da proporção de elos mãe-progênie.

De maneira geral, a exclusão de informações de desempenho das mães e avós maternas, teve impacto negativo na acurácia e precisão das estimativas de (co)variâncias para peso à desmama de bovinos de corte., pois a quebra do elo mãe-progênie gerou limitações de informações de desempenho causando estimativas pouco confiáveis. Corroborando as afirmativas de Heydapour et al. (2008), que discutiram que em um conjunto de dados que apresente grande número de mães sem registro para a característica selecionada, pode ocasionar sérias conseqüências nas estimativas de covariância genética direta-maternal.

As estimativas de variância de ambiente permanente maternal foram influenciadas significativamente ( $P < 0,05$ ) pelos efeitos de correlação genética, razão de variâncias, proporção de elos mãe-progênie, e interação correlação e razão de variâncias, sendo tal interação importante ao ajuste do modelo (5,28%). Entretanto, o viés das estimativas foi alto e apresentaram em todos os cenários analisados, subestimação (Figura 1). Os resultados encontrados nesta pesquisa divergem dos obtidos por Heydarpour et al. (2008), muito embora, os mesmos, tenham encontrado contradições entre os resultados para as estimativas de variância de ambiente permanente maternal e variância maternal. É fato, que existem dificuldades em separar efeito genético maternal e, de ambiente permanente maternal, e que de certa forma esta separação pode ser dependente da magnitude da covariância genética direta-maternal, da razão entre as variâncias e do número de mães (vacas) com registros próprios nos dados. Muito embora, no presente

trabalho, ao longo das proporções de elos mãe-progênie, as ligações entre os registros de mãe e filhos foram aumentando, assim como ocorreu um aumento da frequência de registros de uma mesma vaca e aumento do número de animais, isto não foi suficiente para aumentar a acurácia e precisão das estimativas de variância de ambiente permanente maternal.

A variância de ambiente permanente maternal foi subestimada em todos os cenários analisados, principalmente quando foi máximo a proporção de elos mãe-progênie. Entretanto, estes resultados não divergem de vários trabalhos com dados reais (Meyer, 1997; Bashnagel et al. 1999; Quintanilla et al. 1999; Maniatis e Pollott, 2003; e Cucco et al. 2009) em que foram observados que em características sob efeito maternal (peso à desmama) o aumento nas estimativas de herdabilidade direta e maternal, proporcionou reduções na variância de ambiente permanente maternal. Menores erros-padrão foram obtidos quando a correlação genética direta-maternal foi positiva (dados não apresentados).

Maniatis e Pollott (2003) demonstraram que quando cada vaca presente nos dados apresentava três ou quatro dados de progênie, observa-se aumento marcante na variância genética aditiva materna (em torno de 70%), coincidindo com reduções drásticas da variância de ambiente permanente maternal (em torno de 75%). Na estimação de variância genética aditiva maternal utilizam-se todos os registros de vacas e suas progênies presentes na *matriz* de relacionamento, enquanto que nas estimativas de variância de ambiente permanente maternal são apenas as vacas que possuem progênies com registros, existentes na matriz. Da mesma forma que Heydarpour et al. (2008) os resultados encontrados foram contrastantes com os resultados de variância genética aditiva maternal, ou seja, à medida que as estimativas de variância genética aditiva maternal tornavam-se mais acuradas não foi observado mesma tendência para as estimativa de variância de ambiente permanente maternal. Relatando ainda, que as estimativas de variância de ambiente permanente maternal são dependentes da magnitude da covariância genética direta-maternal presente nos dados, o que de certa forma vem concordar com os dados encontrados no presente trabalho, pois menores vieses foram observados quando a correlação genética direta-maternal foi positiva.

## **CONCLUSÕES**

Para as condições da presente pesquisa, alterações na magnitude da correlação



genética entre os efeitos diretos e maternos, bem como na razão entre as variâncias genéticas direta e maternal e suas interações tiveram efeito de maior magnitude e influência nas estimativas de variâncias e covariâncias para peso à desmama. À medida que a proporção de elos mãe-progênie aumenta, melhora a confiabilidade das estimativas de variâncias genéticas direta e maternal e covariância genética direta-maternal de características sob efeito maternal, e provavelmente venha alterar o padrão de influência de outros efeitos sobre as estimativas de (co)variâncias.

### **REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

- Anualpec (2007) Anuário da pecuária brasileira. Instituto FNP. Agra FNP Pesquisas Ltda: São Paulo.
- Baschnagel MB, Moll J, Kunzi N (1999) Comparison of models to estimate maternal effects for weaning weight of Swiss Angus cattle fitting a sire\_herd interaction as an additional random effect. *Livest. Prod. Sci.* 60:203–208.
- 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.
- Bulmer MG (1971), The effect of selection on genetic variability. *Am. Nat.*, v.105, p.201-211.
- Cucco DC, Ferraz JBS, Pinto LFB, Eler JP, Balieiro JCC, Mattos EC (2009) Genetic parameters for pre-weaning traits in Braunvieh cattle. *Genetics and Molecular Research* 8(1):291-298.
- 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.*, v.109, p.321-326.
- Heydarpour M, Schaeffer L, and Yazdi H (2008), Influence of population structure on estimates of direct and maternal parameters. *J. Anim. Breed. Genetics*, v. 125, p. 89-99.
- Hohenboken WD (1985), Maternal Effects. In: *General and quantitative genetics*, Amsterdam: Elsevier Science, p.135-149.
- 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 (1992) Bias and sampling covariances of estimates of variance components due

to maternal effects. *Genet. Sel. Evol.*, n. 24, p. 487-509.

- Meyer K (1997) Estimates of genetic parameters for weaning weight of beef cattle accounting for direct-maternal environmental covariances. *Liv. Prod. Sci.* 92:187-199.
- Quintanilla R, Varona L, Pujol MR, Piedrafita J (1999) Maternal animal model with correlation between maternal environmental effects of related dams. *J. Anim. Sci.* 77:2904-2917.
- Robinson DL (1996) Models which might explain negative correlations between direct and maternal genetic effects. *Liv. Prod. Sci.*, 45:111-122.
- 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.
- Scafeffer LR (1996) **Animal Breeding**. Jaboticabal, São Paulo. 1996. International course. Disponível em: <http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/LRSsite/lteach.html.pdf>. Acessado em: 20 Junho 2007.
- Statistical Analysis Systems – SAS. (2002), *User's guide. Version 8.2*. 1 ed. Cary: 956p.
- Sorensen DA, Kennedy BW (1984) Estimation of response to selection using least-squares and mixed model methodology. *Journal of Animal Science*, 58:1097-1106.
- Willham RL (1972) The role of maternal effects in animal breeding: III. Biometrical aspects of maternal effects in animals. *J. Anim. Sci.*, 35:1288-1293.
- Willham RL (1980) Problems in estimating maternal effects. *Liv. Prod. Sci.* 7: 405-418.

#### **CAPÍTULO 4. EFEITOS DA INCLUSÃO OU NÃO DA COVARIÂNCIA GENÉTICA DIRETA-MATERNAL NO MODELO E DOS VALORES REAIS DAS (CO)VARIÂNCIAS SOBRE SUAS ESTIMATIVAS PARA PESO A DESMAMA EM BOVINOS DE CORTE.**

**RESUMO** – Objetivou-se estimar e comparar componentes de (co)variâncias para Peso à desmama em bovinos, considerando-se os efeitos da correlação genética direta-maternal (-0,50; -0,25; +0,25; +0,50), da razão entre as variâncias genéticas direta e maternal (75:75; 50:100; 100:50); e da inclusão ou não da covariância genética direta-maternal. Foi realizada simulação estocástica de 20 réplicas de um rebanho fechado, em acasalamento aleatório, com animais base não aparentados, não selecionados e amostrados aleatoriamente. As estimativas de (co)variâncias foram obtidas sob modelo animal unicaráter, usando o aplicativo MTDFREML. Os cenários foram constituídos considerando-se um valor de correlação genética direta-maternal, uma razão entre as variâncias genéticas direta e maternal e um modelo que diferenciaram pela inclusão ( $M_2$ ) ou não ( $M_1$ ) da covariância genética direta-maternal. O modelo influenciou significativamente ( $P < 0,05$ ) as estimativas de variâncias genéticas direta, maternal e residual, não sendo significativo sobre a variância de ambiente permanente maternal. O valor da correlação genética direta-maternal influenciou significativamente ( $P < 0,05$ ) todas as (co)variâncias, e a razão de variâncias exerceu efeito significativo ( $P < 0,05$ ) apenas sobre as estimativas de variâncias genéticas direta e maternal. Quando a correlação genética direta-maternal foi negativa o  $M_1$  subestimou as variâncias direta e maternal, e quando positiva superestimou as mesmas. Estimativas confiáveis e acuradas das (co)variâncias para Peso à desmama em bovinos de corte, são dependentes da adequação do modelo, bem como dos valores reais das mesmas.

**Palavras-chave:** bovinos, correlação genética direta-maternal, estimativas de (co)variâncias simulação.

#### **CHAPTER 4. EFFECTS OF INCLUSION OR NOT OF DIRECT-MATERNAL GENETIC COVARIANCE IN THE MODEL OF ANALYSIS THE ESTIMATES OF VARIANCE COMPONENTS WEANING WEIGHT IN BEEF CATTLE.**

**ABSTRACT** – The objective is to estimate and compare the (co)variance components for weaning weight in cattle, considering the effect of direct-maternal genetic correlation (-0,50; -0,25; +0,25; +0,50), direct and maternal genetic variances ratio (75:75; 50:100; 100:50); and inclusion or not of direct-maternal genetic covariance. A stochastic simulation was performed on 20 replicas of a closed herd, with random mating, with unrelated base animals, non-selected and with random sampling. The (co)variance estimates were obtained on the animal model univariate, using the MTDFREML software. The settings were constituted considering a direct-maternal correlation value, direct and maternal variance ratio and a model that differed in the inclusion (M2) or not (M1) of direct-maternal genetic covariance. The model influenced significantly ( $P < 0,05$ ) the direct, maternal and residual genetic variance estimates, being not significant on the permanent maternal environmental variance. The value of direct-maternal genetic correlation influenced significantly ( $P < 0,05$ ) all the (co)variances, and the variance ratio had significant effect ( $P < 0,05$ ) only on the direct and maternal variance estimates. When the direct-maternal genetic correlation was negative, M1 underestimated the direct and maternal variances, and, when positive, they were overestimated. Reliable and accurate estimates of the (co)variances for weaning weight in beef cattle are dependent on the adequacy of the model, as well as the real value of these (co)variances.

**Keywords:** bovine, direct-maternal genetic correlation, (co)variance estimate, simulation.

## INTRODUÇÃO

A eficiência da avaliação genética para características sob efeitos maternos em gado de corte requer estimativas confiáveis das (co)variâncias correspondentes. A confiabilidade dessas estimativas depende, em grande medida, da natureza dos dados disponíveis, destacando-se o número de registros por vaca, o modelo estatístico, o método de estimação aplicados, da consideração dos efeitos maternos (genéticos e ambientais), do número de mães e avós maternas com registros e do número de gerações presentes nos dados analisados (GERSTMAYR, 1992; ROEHE & KENNEDY, 1993; MANIATIS & POLLOT, 2003; HEYDARPOUR et al., 2008; ZAMANI & MOHAMMADI, 2008).

No Brasil, MALHADO et al. (2004) em estudo sobre a inclusão da covariância entre os efeitos direto e materno no modelo, verificaram que não houve diferenças entre modelos para as estimativas de herdabilidade direta, bem como não houve alteração na classificação dos animais pela ordem dos valores genéticos preditos. JACINTO et al. (2005) verificando a adequação de modelos para estimativas de parâmetros genéticos para peso aos 205 dias na raça Tabapuã, no nordeste do Brasil, verificaram que não houve diferenças significativas quando compararam modelos incluindo ou não a covariância genética direta-maternal.

Objetivou-se estimar e comparar componentes de (co)variâncias para peso à desmama em bovinos de corte, considerando-se a inclusão ou não no modelo de análise a covariância genética direta-maternal, em dados simulados considerando quatro valores de correlação genética direta-maternal (-0,50; -0,25; +0,25; +0,50), e três razões de variâncias (75:75; 50:100; 100:50).

## MATERIAL E MÉTODOS

### *Simulação dos dados*

Foi realizada simulação estocástica de 20 réplicas de um rebanho fechado, em acasalamento aleatório, de 1.000 vacas e 25 touros (população base), não aparentados, não selecionados, amostrados e distribuídos aleatoriamente em 40 grupos de contemporâneos. O processo de simulação da população gerou-se pelo período de 20 anos, sob acasalamento aleatório, aproximando-se de condições reais de campo, a exemplo dos grandes rebanhos zebuínos de corte existentes no Brasil. 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, valor genético individual e diagnóstico negativo de gestação. Em relação aos machos o descarte obedeceu ao valor genético individual.

O processo de seleção aplicado à população simulada contemplou reposição anual de 32% dos touros e 28% das vacas. Até o terceiro ano de simulação, a reposição dos prováveis genitores deu-se 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, o que culminou no estabelecimento de sete gerações sobrepostas através dos 20 anos. Esse processo determinou o nascimento anual de 724 bezerros, distribuídos aleatoriamente em 40 grupos contemporâneos (GC), 20 constituídos por machos e os demais por fêmeas. A distribuição/alocação dos animais nos grupos de contemporâneos foi feita seguindo uma distribuição uniforme, ou seja, cada macho e/ou fêmea tinha igual probabilidade de participar de um dos 20 GC. Para garantir a conexidade genética entre os GC foram impostas restrições sobre os números mínimos e máximo de filhos por touro (min=5; max=80), animais por GC (min=5; max=100), touros por GC (min=2; max=4 a 8), sendo a mesma aferida pelo procedimento proposto por SCHAEFFER (1996). Nesse processo, para cada ano foi iniciado um processo de amostragem pseudo-aleatória que proporcionou a distribuição dos animais nos GC, usando uma distribuição uniforme para amostrar touro e GC, caso as restrições não fossem atendidas o processo de amostragem pseudo-aleatória era reiniciado. O índice de concepção (IC) variou conforme a idade das vacas, sendo observada a categoria, como exemplo, primíparas, que representa um dos maiores gargalos nos sistemas produtivos, apresentando reduzidos IC. Os IC foram amostrados conforme consulta de catálogos de diagnósticos da pecuária nacional, como ANUALPEC (2007). No sistema produtivo de gado de corte definido no presente trabalho, determinou-se que, em média, a vida reprodutiva útil das vacas seria de 15 anos, sendo tal idade definida como critério limite de descarte, conforme pode ser visualizado na Tabela 1. O critério de seleção de machos e fêmeas baseou-se no valor genético individual.

Como característica sob efeito maternal considerou-se o peso a desmama (*PD*), cujo valor para os machos foi acrescido em 15 kg, em relação às fêmeas.

**Tabela 1.** Número de vacas expostas à reprodução e índice de concepção (IC%) segundo idade (anos) no processo de simulação.

Idade	Vacas expostas	Vacas paridas (IC%)
3	280	224 (80,00)
4	224	112 (50,00)
5	112	89 (79,46)
6	89	71 (70,78)
7	71	56 (78,87)
8	56	44 (78,57)
9	44	35 (79,55)
10	35	28 (80,00)
11	28	22 (78,57)
12	22	17 (77,27)
13	17	13 (76,47)
14	13	09 (69,23)
15	09	04 (44,44)
<b>Total</b>	<b>1.000</b>	<b>724 (72,40)</b>

Neste caso a simulação dos efeitos genéticos aditivos direto e maternal foram gerados simultaneamente, já que tais efeitos são geneticamente correlacionados (SCHAEFFER, 1996), esse processo sustenta-se na decomposição de Cholesky da matriz  $G$  de (co)variâncias genéticas, a qual pode ser expressa pelo produto de uma matriz vezes sua transposta, isto é:

$$G = \begin{pmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{am} \\ \sigma_{am} & \sigma_m^2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} C_{11} & 0 \\ C_{12} & C_{22} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} C_{11} & C_{12} \\ 0 & C_{22} \end{pmatrix}, \text{ em que } C \text{ é uma matriz triangular inferior com os}$$

valores  $C_{11}$ ,  $C_{12}$  e  $C_{22}$  correspondentes às componentes de variância genética direta ( $\sigma_a^2$ ) ( $C_{11}=75; 50; 100$ ) covariância genética direta-maternal ( $\sigma_{am}$ ) ( $C_{12}=0,2; 17,75; 35; -17,75; -35$ ) e variância genética maternal ( $\sigma_m^2$ ) ( $C_{11}=75; 100; 50$ ), respectivamente.

Para o processo de simulação dos dados foram desenvolvidos diversos programas utilizando o sistema de análises estatísticas SAS (2002). O peso à desmama ( $PD$ ) foi simulado segundo o modelo abaixo. O desenvolvimento deste modelo foi proveniente de análises prévias, considerando dados reais e simulados.

$$PD = b_0 + b_1 * idv + b_2 * idv^2 + egc + vga + vgm + ap + e$$

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;  $vgm_v$  = valor genético aditivo maternal da vaca (mãe);  $ap$  = efeito ambiental permanente maternal;  $e$  = efeito residual.

Os valores  $egc$ ,  $ap$  e  $e$  foram amostrados de distribuição Normal com média zero e variâncias  $\sigma_{egc}^2$  ( $egc \sim N(0, 450)$ ),  $\sigma_{ap}^2$  ( $ap \sim N(0, 45)$ ) e  $\sigma_e^2$  ( $e \sim N(0, 225)$ ), respectivamente. Esses valores foram provenientes de análise criteriosa de diversos estudos relatados na bibliografia disponível, análises prévias considerando dados reais e simulados. Nas gerações seguintes à população base, os valores genéticos aditivos direto ( $vga$ ) e maternal ( $vgm$ ) de cada indivíduo foram calculados conforme as equações a seguir:

$$vga = 1/2(vga_t + vga_v) + AM_a \quad vgm = 1/2(vgm_t + vgm_v) + AM_m$$

$$AM_a = (z_1 C_{11}) \sqrt{0,5(1 - (F_t + F_v)/2)} \quad AM_m = (z_1 C_{12} + z_2 C_{22}) \sqrt{0,5(1 - (F_t + F_v)/2)}$$

nas quais,  $vga$  = valor genético aditivo direto do bezerro;  $vgm$  = valor genético aditivo maternal do bezerro;  $vga_t$  = valor genético aditivo direto do touro;  $vga_v$  = valor genético aditivo direto da vaca;  $vgm_t$  = valor genético aditivo maternal do touro;  $vgm_v$  = valor genético aditivo maternal da vaca;  $AM_a$ ,  $AM_m$  = contributos da amostragem Mendeliana aleatória aos valores genéticos aditivos direto e maternal, respectivamente;  $z_1$ ,  $z_2$  = desvios normais aleatórios;  $C_{11}$ ,  $C_{12}$ ,  $C_{22}$  = termos da decomposição de Cholesky da matriz  $G$ , correspondentes às componentes  $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_{am}$  e  $\sigma_m^2$ , respectivamente;  $F_t$  e  $F_v$  = coeficientes de consangüinidade do touro (pai) e da vaca (mãe), respectivamente. A partir do quarto ano aconteceram acasalamentos entre parentes, gerando indivíduos com algum grau de consangüinidade, parte dos quais acasalaram a partir do sétimo ano. Os efeitos da amostragem Mendeliana assumiram-se independentes de  $vga_t$ ,  $vga_v$ ,  $vgm_t$  e  $vgm_v$  (BULMER, 1971). A decomposição de Cholesky da matriz de (co)variâncias genética ( $G$ ) foi obtida através da função **root** do *PROC IML* do sistema SAS (2002).

As estimativas de (co)variâncias e as predições de valores genéticos, foram obtidas pelo método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) através de modelo animal unicaráter, usando o aplicativo Máxima Verossimilhança Restrita Livre de Derivadas (MTDFREML) (*Multiple-Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood*), desenvolvido por BOLDMAN *et al.* (1995). A idade da vaca ao parto e o grupo de contemporâneos foram definidos como efeitos fixos.

O modelo linear misto para descrever cada observação, foi:

$$Y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3ap + e$$



em que;  $\mathbf{Y}$  = vetor das observações da característica ( $PD$ );  $\mathbf{X}$  = matriz de incidência dos efeitos fixos;  $\boldsymbol{\beta}$  = vetor dos efeitos fixos;  $\mathbf{Z}_1$  = matriz de incidência do efeito genético aditivo direto de cada animal;  $\mathbf{a}$  = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos;  $\mathbf{Z}_2$  = matriz de incidência do efeito genético aditivo maternal de cada animal;  $\mathbf{m}$  = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos maternais;  $\mathbf{Z}_3$  = matriz de incidência do efeito do ambiente permanente maternal;  $\mathbf{ap}$  = vetor de efeitos aleatórios do ambiente permanente maternal;  $\mathbf{e}$  = vetor de efeitos aleatórios residuais.

As distribuições e matriz de (co)variâncias dos efeitos aleatórios foram assim definidas:

$$E[\mathbf{a}] = E[\mathbf{m}] = E[\mathbf{ap}] = E[\mathbf{e}] = 0,$$

$$E[\mathbf{y}|\mathbf{a},\mathbf{m},\mathbf{ap}] = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_1\mathbf{a} + \mathbf{Z}_2\mathbf{m} + \mathbf{Z}_3\mathbf{ap}$$

$$\text{Var} \begin{bmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{m} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 \\ A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_v\sigma_{ap}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_N\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

em que;  $\sigma_a^2$  = variância genética aditiva direta;  $\sigma_m^2$  = variância genética aditiva maternal;  $\sigma_{am}$  = covariância genética entre os efeitos aditivos direto e maternal;  $A$  = matriz de parentesco;  $\sigma_{ap}^2$  = variância do ambiente permanente maternal;  $\sigma_e^2$  = variância residual;  $I_v$ ,  $I_N$  = matrizes identidade de ordens  $v$  = número de vacas (mães dos animais com dados) e  $N$  = número total de animais com dados.

### **Cenários simulados**

Dois modelos de análises foram usados para estimar os componentes de (co)variâncias,  $M_1$  - modelo animal que considerou a covariância genética entre os efeitos direto e maternal como igual a zero ( $cov=0$ ), e  $M_2$  em que o valor da covariância genética direta-maternal foi considerado conforme a simulação dos dados. As estimativas de (co)variâncias e as predições de valores genéticos, foram obtidas pelo método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), utilizando o aplicativo MTDFREML.

Os cenários foram constituídos considerando-se quatro valores de correlação genética (-0,50; -0,25; +0,25 e +0,50), três razões entre as variâncias genéticas direta e maternal (75:75; 50:100; 100:50), e dois modelos ( $M_1$  e  $M_2$ ). Dessa forma, foram constituídos 24 cenários ( $4C \times 3R \times 2M$ ) = 24 cenários).

## **Análise Estatística**

As estimativas de (co)variâncias obtidas em cada cenário foram analisadas individualmente, conforme o modelo:

$$Y_{ijkl} = \mu + C_i + R_j + M_k + (2 - \text{Interações}) + (3 - \text{Interação}) + e_{ijkl}$$

em que;  $Y_{ijkl}$  = estimativas de (co)variâncias (i.e.,  $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_m^2$ ,  $\sigma_{ap}^2$ ,  $\sigma_e^2$ );  $\mu$  = média geral;  $C_i$  = efeito do  $i$ -ésimo valor da correlação genética direta-maternal (-0,50; -0,25; +0,25 e +0,50);  $R_j$  = efeito da  $j$ -ésima razão entre variâncias genéticas direta e maternal (75:75; 50:100; 100:50);  $M_k$  = efeito do  $k$ -ésimo modelo ( $M_1$  e  $M_2$ ); *Interações Duplas* =  $C_i \times R_j$ ;  $C_i \times M_k$ ;  $R_j \times M_k$ ; *Interação Tripla* =  $C_i \times R_j \times M_k$ ;  $e_{ijkl}$  = efeito residual aleatório.

O erro padrão quadrático ( $EP$ )<sup>2</sup> da média das 20 réplicas para cada cenário foi usado como fator de ponderação nas análises. A significância de cada efeito 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. O viés foi calculado pela diferença entre os valores estimados para cada variância ( $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_m^2$ ,  $\sigma_{ap}^2$ ,  $\sigma_e^2$ ) e os valores verdadeiros calculados sobre a população-base, considerada até o 3º ano, conforme descrito por SORENSEN & KENNEDY (1984). A bondade do ajuste à distribuição Normal dos conjuntos de (co)variâncias estimadas, condição necessária para a correta inferência dos efeitos analisados e suas interações, foi testada mediante o *PROC UNIVARIATE* do SAS (SAS, 2002).

## **RESULTADOS E DISCUSSÃO**

Os resultados das análises de variâncias para peso à desmama sobre as (co)variâncias estimadas são apresentados na Tabela 2.

As estimativas de (co)variâncias ( $P < 0,0001$ ) para a característica sob efeito maternal foi significativamente influenciada pela correlação genética direta-maternal (C), apresentando interações significativas com a razão de variâncias (R) e o modelo (M). A interação CxR não foi significativa para as estimativas de variância genética maternal, enquanto que as estimativas da variância de ambiente permanente maternal não foram influenciadas significativamente ( $P > 0,05$ ) pela interação CxM. A interação CxR mostrou contribuição importante ao ajuste do modelo, para as estimativas da variância de

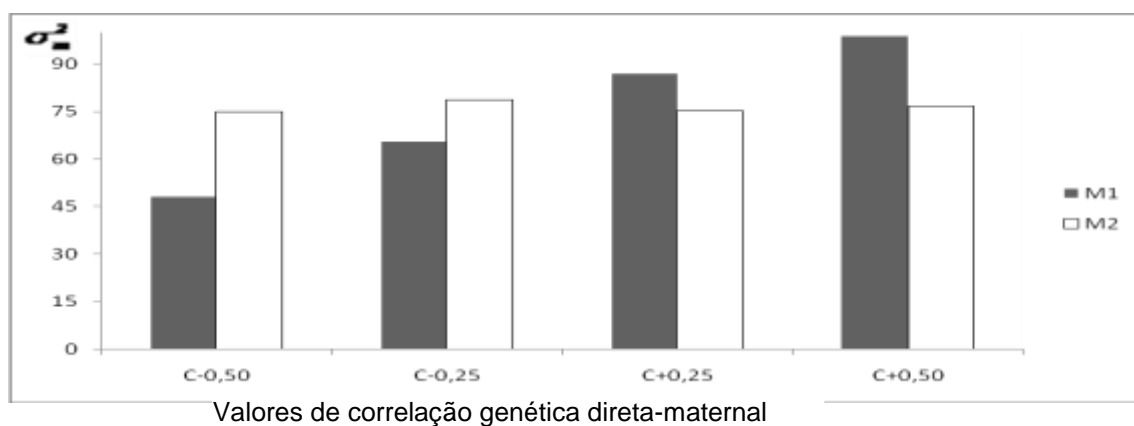
ambiente permanente maternal (8%), sendo reduzida (0,7% e 1%) para as demais estimativas (i.e.,  $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_e^2$ ).

**Tabela 2.** Significâncias dos efeitos sobre as estimativas de (co)variâncias para a característica PD, em bovinos de corte.

Efeitos <sup>1</sup>	$\sigma_a^2$	$\sigma_m^2$	$\sigma_{ap}^2$	$\sigma_e^2$
C	***	***	***	***
R	***	***	ns	ns
M	*	ns	ns	*
C x R	**	ns	***	**
C x M	***	***	ns	***
R x M	ns	ns	ns	ns
C x R x M	ns	ns	ns	ns
$R^2$	0,816	0,846	0,173	0,611

<sup>1</sup>M= Modelo ( $M_1$  e  $M_2$ ); C=correlação genética direta-maternal; R=razão entre variâncias genéticas direta e maternal; MxC=interação modelo x correlação; MxR= interação modelo x razão; C x R=interação correlação x razão; M x C x R= interação modelo x correlação x razão; \* = $p<0,05$ ; \*\* =  $p<0,001$ ; \*\*\* =  $p<0,0001$ ; ns = não significativo; Coeficiente de determinação do modelo,  $R^2 = (SQ_{\text{modelo}} / SQ_{\text{total}})$ .  $\sigma_a^2$  = variância genética aditiva direta;  $\sigma_m^2$  = variância genética aditiva maternal;  $\sigma_{ap}^2$  = variância do efeito de ambiente permanente maternal;  $\sigma_e^2$  = variância atribuída ao efeito ambiental.

O modelo utilizado não afetou significativamente as estimativas de variância genética aditiva maternal. Entretanto, quando se considerou a interação CxM observou-se efeito significativo ( $P<0,0001$ ) da mesma sobre as estimativas da variância genética maternal ( $\sigma_m^2$ ), contribuindo com 9% ao ajuste do modelo. A contribuição da interação CxM para as estimativas de variância genética maternal podem ser visualizadas na Figura 1, na qual pode-se observar que quando a covariância genética direta-maternal foi considerada ( $M_2$ ), as estimativas foram mais acuradas, independentemente da magnitude da correlação genética direta-maternal, enquanto que, no  $M_1$  estimativas de variância genética maternal apresentaram maior viés. A interação CxM exerceu efeito significativo sobre as estimativas da variância genética direta ( $P<0,0001$ ) e variância residual ( $P<0,0001$ ), contribuindo ao coeficiente de determinação do modelo ( $R^2$ ) na ordem de 11% e 26%, respectivamente. As interações RxM e CxRxM não exerceram efeitos significativos ( $P>0,05$ ) sobre as estimativas de (co)variâncias para peso à desmama em bovinos de corte.



M2 - Modelo completo incluindo a covariância genética direta-maternal (CV). M1 - Modelo com CV = zero.

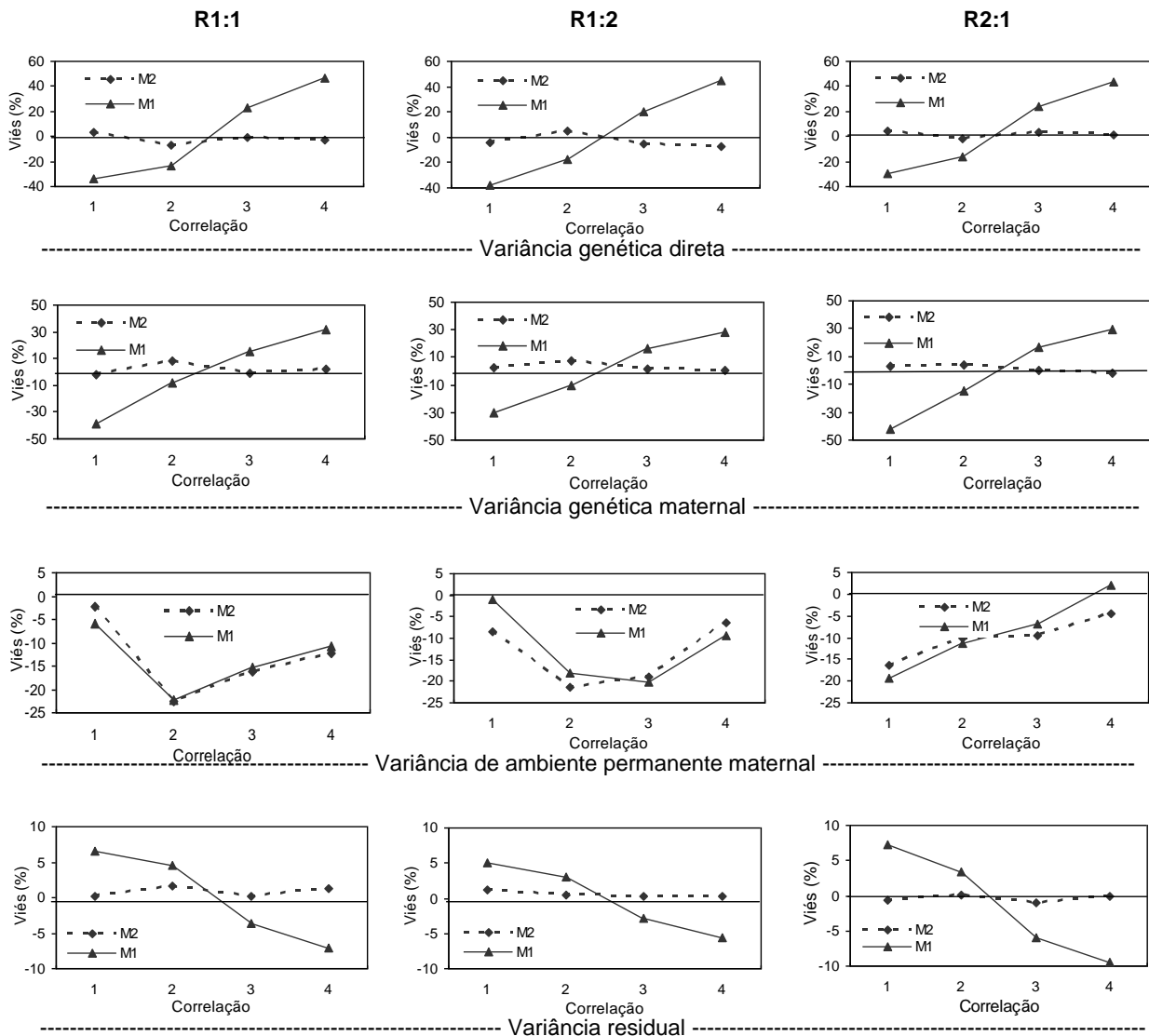
Figura 1. Influência da interação CxM sobre as estimativas de variância genética maternal.

As estimativas de (co)variâncias utilizando o Modelo 1 foram todas viesadas, notando-se que os vieses das estimativas de variâncias genéticas direta e maternal mostraram padrão oposto àqueles das estimativas de variância residual, conforme o valor da correlação genética direta-maternal (C). No  $M_1$  notou-se que quando a correlação genética direta-maternal (C) foi negativa, houve subestimação das  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_m^2$ , e superestimação da variância residual e quando C positiva houve superestimação das  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_m^2$ , e subestimação da variância residual. Resultados similares foram reportados por CLÉMENT et al. (2001) que observaram que a confiabilidade das estimativas de (co)variâncias foram dependentes da magnitude da correlação genética direta-maternal existente nos dados, com viés de maior magnitude quando se utilizou  $C = -0,50$ .

Independentemente do modelo empregado ( $M_1$  ou  $M_2$ ) as estimativas da variância de ambiente permanente maternal foram subestimadas, e a confiabilidade das estimativas de variância residual foram maiores no modelo que considerou a covariância genética direta-maternal ( $M_2$ ), indicando que modelos de estimação influenciam as estimativas de (co)variâncias. No entanto, CABRERA et al. (2001) e MALHADO et al. (2004) relataram que não houve diferenças entre as estimativas dos parâmetros genéticos quando se considerou ou não a covariância genética direta-materna no modelo.

Dessa forma, com base nos resultados dessa simulação a sugestão de vários pesquisadores, de assumir a covariância genética direta-materna como igual a zero, pode conduzir a conclusões inadequadas e assim comprometer estimativas dos parâmetros genéticos, bem como interferir nas decisões de seleção e mérito genético dos animais.

Estimativas de (co)variâncias para peso à desmama foram mais acuradas quando se utilizou  $M_2$ , conforme pode ser visualizado na Figura 2.



Razões entre as variâncias genéticas direta e maternal: R1:1 (75:75), R1:2 (50:100), R2:1 (100:50).

Valores da correlação genética direta-maternal: 1 (-0,55), 2 (-0,25), 3 (0,25), 4 (0,50).

$M_2$  - Modelo completo incluindo a covariância genética direta-maternal (CV).  $M_1$  - Modelo com CV = zero.

Figura 2. Magnitudes do viés das estimativas de variâncias (%) segundo valores reais das razões entre as variâncias genéticas direta e maternal e da correlação genética direta-maternal, sob modelos incluindo ( $M_2$ ) ou não ( $M_1$ ) a covariância genética direta-maternal.

## CONCLUSÕES

A partir do  $M_2$  foram obtidas estimativas de (co)variâncias com maior precisão e acurácia para peso à desmama em bovinos de corte.

A não inclusão da covariância genética direta-maternal no modelo levou a obtenção de estimativas viesadas, gerando pouca acurácia nas estimativas de (co)variâncias, e assim conseqüentemente nos parâmetros genéticos.

## **REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

BOLDMAN, K.G., KRIESE, L.A., VAN VLECK, L.D., VAN TASSELL, C.P., KACHMAN, S.D. *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. 1995.

BULMER, M.G., The effect of selection on genetic variability. **Am. Nat.**, 105:201-211. 1971.

CABRERA, M.E., GARNERO, A. del V., LÔBO, R.B., GUNSKI, R.J. Efecto de la incorporación de la covarianza genética directa-materna en el análisis de las características de crecimiento en la raza Nelore. **Liv. Research for Rural Development**, v.13, n.4, p.1-6, 2001.

CLÉMENT, V., BIBÉ, B., VERRIER, E., ELSEN, J.M., MANFREDI, E., BOUX, J., HANOCQ, E. 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.** 33:369-395.2001.

GERSTMAYR, S. 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. 1992.

HEYDARPOUR, M., SCHAEFFER, L., YAZDI, H. Influence of population structure on estimates of direct and maternal parameters. **J. Anim. Breed. Genetics**, 125:89-99. 2008.

JACINTO, E.J., MARTINS FILHO, R., MALHADO, C.H.M., AZEVEDO, D.M.M.R., CARNEIRO, P.L.S., LÔBO, R.N.B., FACÓ, O., MACHADO, C.H.C., SOUZA, J.C. Adequação de modelos para estimativa de parâmetros genéticos relativos ao peso aos 205 dias de idade em bovinos da raça Tabapuã, criados na região Nordeste. **Revista Ciência Agronômica**, v.36, n.2, p.221-226, 2005.

MALHADO, C.H.M.; LÔBO, R.N.B.; MARTINS FILHO, R.; FACÓ, O.; AZEVEDO,

D.M.M.R. Efeito da incorporação da covariância entre os efeitos direto e materno sobre a análise para a característica dias para ganhar 160 Kg. **Bras. J. Vet. Research and Anim. Sci.**, v.41, p.14-19, 2004.

MANIATIS, N., POLLOT, G.E. 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. 2003.

ROEHE, R., KENNEDY, B.W. The influence of maternal effects on accuracy of evaluation of litter size in swine. **J. Anim. Sci.** 71:2353-2364. 1993.

SCHAEFFER, L.R. **Animal Breedings**. Course Internacional. 1996. Faculdade de Ciências Agrárias e Vetererinária. Unesp. Jaboticabal. São Paulo. Disponível em: <http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/LRSsite/lteach.html.pdf>. Acessado em: 20 Junho 2007.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEMS – SAS. *User's guide. Version 8.2*. 1 ed. Cary: 956p. 2002.

ZAMANI, P., MOHAMMADI, H. Comparison of different models for estimation of genetic parameters of early growth traits in the Mehraban sheep. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.125, n.1, p.29-34, 2008.

## **CAPITULO 5 - CONSIDERAÇÕES FINAIS**

O conhecimento dos efeitos genéticos e ambientais, em conjunto ou isoladamente, tem ajudado no entendimento das possíveis causas do antagonismo genético entre os efeitos aditivos direto e maternal discutido e relatado na literatura. Entretanto, é importante explorar mais a combinação desses efeitos visando uma melhor contribuição no entendimento da problemática, bem como na estimação adequada e correta dos componentes de variância e covariâncias de características sob efeito maternal.

Estimativas acuradas e precisas das variâncias genéticas e covariâncias de características sob efeito maternal merecem estudos intensificados e detalhados, uma vez que, essas estimativas podem ser influenciadas pela natureza e composição dos dados, e modelo aplicado.

A existência de antagonismo genético entre os efeitos aditivos direto e maternal têm sido discutido e relatado na literatura, no entanto, existem alguns fatores que podem contribuir para existência deste antagonismo, e o seu conhecimento é importante para que variâncias acuradas e precisas sejam estimadas.



# Livros Grátis

( <http://www.livrosgratis.com.br> )

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)  
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)  
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)  
[Baixar livros de Matemática](#)  
[Baixar livros de Medicina](#)  
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)  
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)  
[Baixar livros de Meteorologia](#)  
[Baixar Monografias e TCC](#)  
[Baixar livros Multidisciplinar](#)  
[Baixar livros de Música](#)  
[Baixar livros de Psicologia](#)  
[Baixar livros de Química](#)  
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)  
[Baixar livros de Serviço Social](#)  
[Baixar livros de Sociologia](#)  
[Baixar livros de Teologia](#)  
[Baixar livros de Trabalho](#)  
[Baixar livros de Turismo](#)