



Comparação de modelos para estimação de componentes de variância de características de suínos

Maria Rita Gonçalves da Silva¹, Renata Veroneze², Bianca Queiroz Lopes³, Caroline Pereira de Abreu⁴, Leticia Fernanda de Oliveira⁵, Layla Cristien de Cássia Miranda Dias⁶

¹ Universidade Federal de Viçosa - Departamento de Zootecnia - maria.r.goncalves@ufv.br

⁴ Universidade Federal de Viçosa - Departamento de Zootecnia - caroline.p.abreu@ufv.br

² Universidade Federal de Viçosa - Departamento de Zootecnia - renata.veroneze@ufv.br

⁵ Universidade Federal de Viçosa - Departamento de Zootecnia - leticia.f.oliveira@ufv.br

³ Universidade Federal de Viçosa - Departamento de Zootecnia - bianca.quieroz@ufv.br

⁶ Universidade Federal de Viçosa - Departamento de Zootecnia - layla.dias@ufv.br

Melhoramento, endogamia, parâmetros genéticos
Ciências Agrárias/Pesquisa

Introdução

Os parâmetros genéticos são fundamentais para os programas de melhoramento, visto que são necessários para a predição dos valores genéticos e para o cálculo do ganho genético esperado por meio da seleção. A inclusão do efeito de endogamia no modelo de avaliação tem sido apontada como uma alternativa para se considerar o efeito de dominância e evitar estimativas inflacionadas de parâmetros genético.

Objetivos

Objetivou-se comparar modelos que incluíam ou não o efeito de endogamia como covariável para estimar componentes de variância para duas características de suínos.

Material e Métodos

O banco de dados utilizado para realização das análises está disponível gratuitamente para download e inclui 3534 animais machos e fêmeas nascidos em rebanho núcleo da empresa PIC a partir do ano 2000. Foram avaliadas 2 características, sendo a característica 1 (C1) com herdabilidade igual a 0,07 e característica 2 (C2) igual a 0,62. Os fenótipos disponibilizados foram previamente corrigidos para efeitos fixos e os coeficientes de endogamia foram calculados por meio do software Pedigree Viewer. Os dados foram editados no software R e, posteriormente, os parâmetros genéticos foram calculados via software AIREMLF90. Foram utilizados dois modelos na avaliação, sendo M1: $y = X\beta + Za + \epsilon$ e M2: $y = X\beta + fb + Za + \epsilon$; em que y é o vetor de fenótipos; X é a matriz de incidência de efeitos fixos; β é o vetor de efeitos fixos; Z é a matriz de incidência de efeitos genéticos; a é o vetor de efeitos genéticos aditivos; f é o vetor de coeficientes de endogamia baseado no pedigree; b é a depressão endogâmica, e ϵ é o vetor de resíduos. O ajuste dos modelos foi comparada utilizando o critério de informação de Akaike (AIC).

Resultados e Discussão

Para C1 os valores de AIC foram 10350,03 e 10347,79 para M1 e M2, respectivamente, evidenciando um melhor ajuste de M2. Para C2, o modelo M2 também apresentou melhor ajuste com valores de AIC de 35471,80 e 35455,52 para M1 e M2, respectivamente. Apesar da diferença de ajuste observada houve somente pequenas diferenças nas estimativas dos parâmetros genéticos. Para M1 as variâncias genéticas aditivas foram 0,114 e 2055,90 e as residuais 1,347 e 1749,60 para C1 e C2, respectivamente. Em M2, as variâncias genéticas aditivas foram de 0,115 e 2073,20 e as variâncias residuais foram 1,347 e 1733,00 para C1 e C2, respectivamente. A herdabilidade de C1 foi de 0,08 para ambos os modelos e para C2 observou-se herdabilidade de 0,54 para M1 e de 0,55 para M2. As estimativas para as variâncias aditiva e residual obtidas diferiram das apresentadas no artigo que descreve as características, contudo esta diferença pode ser devido a utilização de diferentes métodos de estimação dos componentes de variância.

Conclusões

Embora as diferenças nas estimativas dos componentes e na herdabilidade nos dois modelos possam ser negligenciadas, recomenda-se a inclusão da endogamia no modelo por proporcionar melhor ajuste.

Bibliografia

Cleveland, M. A., Hickey, J. M., & Forni, S. (2012). A common dataset for genomic analysis of livestock populations. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 2(4), 429–435. <https://doi.org/10.1534/g3.111.001453>

Misztal, I., Tsuruta, S., Strabel, T., Auvray, B., Druet, T., and Lee, D. H. BLUPF90 and related programs (BGF90). 2002. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production.

Apoio Financeiro



Agradecimentos