

Princípios de Avaliação Genética

Lucia Galvão de Albuquerque, José Aurélio G. Bergmann, Henrique Nunes de Oliveira,
Humberto Tonhati, Raysildo Barbosa Lôbo

Introdução

Existem duas formas clássicas de se promover mudanças na constituição genética da população: seleção e sistemas de acasalamento. Seleção é a escolha de animais que serão pais da próxima geração, determinando quantos descendentes deverão produzir e por quanto tempo deverão permanecer em reprodução na população. Para fazer seleção é necessária a identificação dos animais geneticamente superiores, isto é que possuam maior valor como pais da próxima geração.

Em geral, as características de importância econômica são poligênicas, isto é, são determinadas por vários pares de genes com pequeno efeito individual e sofrem grande influência do ambiente. Em consequência, o valor fenotípico de um animal – uma categoria observada ou nível de desempenho medido para determinada característica – não reflete exatamente o seu valor como pai, que é o seu valor genético.

O valor fenotípico (P) de uma animal para uma determinada característica é o resultado de seu valor genotípico (G) e dos desvios de ambiente (E):

$$P = G + E,$$

em que G é o efeito de todos os genes e combinações gênicas que influenciam a característica e E é o efeito que fatores externos (não genéticos) têm sobre o desempenho do animal para a característica.

É necessário lembrar que os pais não transmitem o seu genótipo aos descendentes e sim uma amostra aleatória de genes. Isto acontece porque no momento da gametogênese os pares de cromossomos - local onde estão contidas as informações genéticas, isto é, os genes - separam-se e cada gameta (espermatozóide ou óvulo) irá conter uma amostra aleatória de metade dos genes do pai ou da mãe. Assim, como os pares de genes são desfeitos, a parte do valor genotípico que é resultado das combinações entre genes (CG) não será transmitida para progênie e apenas a parte do valor genotípico que resulta dos efeitos individuais dos genes será transmitida. Dessa forma, o valor genotípico (G) pode ser decomposto em valor genético (A) – a parte que resulta dos efeitos individuais e independentes dos genes e que é transmitida de forma

previsível dos pais para os filhos; e no valor das combinações gênicas (CG) - que resultam dos efeitos de combinações entre genes e que não são transmitidas de pais para filhos. Assim, o problema que temos é o de identificar os melhores animais para serem pais da próxima geração, isto é, os animais com melhores valores genéticos (A). Como $P=G + E = A + CG + E$, o único conhecimento que temos para estimar A são as observações ou medidas dos valores fenotípicos (F). Deve-se salientar que, embora CG e E possam ser muito importantes para o desempenho do animal, esses componentes não são transmitidos para a progênie.

Valor Genético e DEP

Como visto, os pais transmitem aos filhos, por meio dos gametas, uma amostra aleatória de metade de seus cromossomos. Assim, os diferentes gametas produzidos por um mesmo animal vão possuir materiais genéticos diferentes. A DEP – diferença esperada na progênie - é a predição da média do valor genético (A) de todos os gametas produzidos por um animal, seja ele um touro ou uma vaca. Em outras palavras, a DEP corresponde ao efeito aditivo médio dos genes de um animal que são transmitidos para um grande número de filhos, uma progênie de tamanho infinito. A DEP é também uma indicação da Habilidade de Transmissão do indivíduo, ou a metade do seu valor genético como indivíduo.

As DEP's servem para comparar e classificar animais. Elas devem ser interpretadas como a diferença esperada entre o desempenho médio dos filhos de um animal e o desempenho médio dos filhos de outro animal com DEP zero (base), dado que todos os outros fatores sejam iguais. Por exemplo, vamos considerar quatro touros com valores de DEP para determinada característica ponderal, como apresentado na Tabela 1.

Tabela 1. Diferenças esperadas na progênie e respectivas acurácias para peso a um ano de idade

Touro	DEP (kg)	Acurácia
A	+9,94	0,89
B	+6,50	0,76
C	+5,30	0,93
B	+7,70	0,98

Os diferentes valores de DEP estão indicando que: dado que os touros sejam acasalados com um grande número de vacas com o mesmo valor genético médio, as

diferenças das DEPs entre os touros vão refletir as diferenças esperadas entre as médias dos seus filhos para a característica. Nesta situação, espera-se que a média da progênie do touro A seja superior às médias das progênies dos outros touros em:

- +3,44 kg em relação a B
- +4,64 kg em relação a C
- +2,24 kg em relação a D

Os diferentes valores de DEP indicam as diferenças esperadas entre as médias das progênies dos diferentes touros. Entretanto, as DEPs não são uma predição dos desempenhos das progênies dos diferentes touros, pois estes dependem, além dos valores genéticos, das combinações gênicas e dos ambientes nos quais esses animais foram criados.

O valor absoluto da DEP têm pouco significado. Sua utilidade depende da base genética na qual aquela DEP foi obtida e do mérito genético da população na qual os animais foram avaliados. Em geral, a base genética tem valor zero, ou próximo de zero, dependendo do modelo estatístico empregado para avaliação e de diversas características dos dados. A base genética pode também ser escolhida de forma arbitrária como: a DEP de um determinado touro referência; a média das DEP's dos animais nascidos em determinado ano; a média das DEP's dos animais com pais desconhecidos etc. Alterando-se a base genética, os valores das DEP's também mudam, mas as diferenças entre as DEP's dos vários animais avaliados em conjunto permanecem as mesmas. Esta é uma das razões (mas não a única) de não ser correto comparar DEP's de animais de raças diferentes ou de animais de uma mesma raça avaliados em programas de avaliação diferentes.

Acurácia

Os valores de DEP são uma predição do valor genético do animal, isto é do valor real dos genes do animal para a característica de interesse, o qual é desconhecido. A diferença entre o valor genético verdadeiro (o qual nós não conhecemos) e o predito é conhecida como erro de predição. O ideal é que este erro seja o menor possível, de forma que o animal com maior DEP seja realmente aquele com maior valor genético verdadeiro.

Existem várias formas de se medir esse erro de predição, também conhecido como acurácia. A medida de acurácia mais usada é a recomendada pela BIF (Beef Improvement Federation), a qual baseia-se na minimização da variância do erro de

predição (VEP – que é uma medida da magnitude dos erros na predição dos valores genéticos). Neste caso a acurácia é dada pela fórmula:

$$AC = 1 - \sqrt{\frac{VEP}{\sigma_a^2}} \text{ onde } \sigma_a^2 = \text{variância genética aditiva da característica.}$$

A variância genética aditiva é uma propriedade da característica e da população em estudo, e, portanto, é constante para todos os animais sendo avaliados. Desta forma, a acurácia vai variar dependendo da VEP, sendo menor quanto maior o erro. A VEP, por sua vez, depende da herdabilidade da característica, que indica quanto das diferenças fenotípicas entre os animais são devidas a diferenças em seus valores genéticos e é uma propriedade da característica na população. Conseqüentemente, também a estimativa de herdabilidade é a mesma para todos os animais, e as variações de PEV são dependentes da quantidade de informação disponível para a avaliação de cada animal.

A acurácia varia de zero a um ou de zero a 100%. Baixas acurácias indicam que a DEP foi obtida com base em pequena quantidade de informação e que pode sofrer alterações, na medida que novas informações sejam incluídas na avaliação. Os valores de DEP de animais jovens, que não possuem progênie e, as vezes nem mesmo manifestaram a característica, têm acurácias mais baixas do que as DEP's de animais mais velhos, obtidas com base em maior quantidade de informação (observação da própria característica, observação da característica nos filhos em um, vários rebanhos etc).

A classificação e a seleção dos animais deve ser feita de acordo com os valores das DEP, sem levar em conta os valores de acurácia. Esta deve ser utilizada com uma medida de risco, permitindo tomar decisões sobre a intensidade de uso de um determinado reprodutor.

É possível determinar intervalos de confiança para as DEP's (IC), que são uma medida da possível diferença entre a DEP e a verdadeira diferença na progênie. O IC indica a amplitude de valores dentro da qual espera-se, com uma determinada probabilidade, que o valor verdadeiro da diferença na progênie de um touro esteja contido. O IC depende do erro padrão da predição, o qual é a raiz quadrada da variância do erro de predição, de um valor (t) associado à probabilidade desejada para o intervalo de confiança e do desvio padrão da variância genética aditiva (σ_a), como se segue:

$$IC = DEP \pm t (1-\text{acurácia}) \sigma_a/2.$$

Vamos usar como exemplo dois touros com o mesmo valor de DEP (+10 kg) para peso a um ano de idade e acurácias de 0,20 (animal A) e de 0,80 (animal B). Considerando um intervalo de confiança de 68%, o valor de t seria 1,0 (um) e os erros-padrão da predição seriam 4,8 e 1,20 kg, respectivamente para os animais A e B (Figura 1). Desta forma, o intervalo de confiança para o animal A seria de 5,2 a 14,8 kg, enquanto que para o animal B seria de 8,8 a 11,2 kg. Pode-se esperar que em futuras avaliações, com o aumento do número de informações utilizadas para a avaliação, a DEP do animal A possa sofrer maiores modificações que a do animal B. Deve-se ressaltar que as modificações podem ser tanto no sentido de aumentar a DEP como diminuí-la.

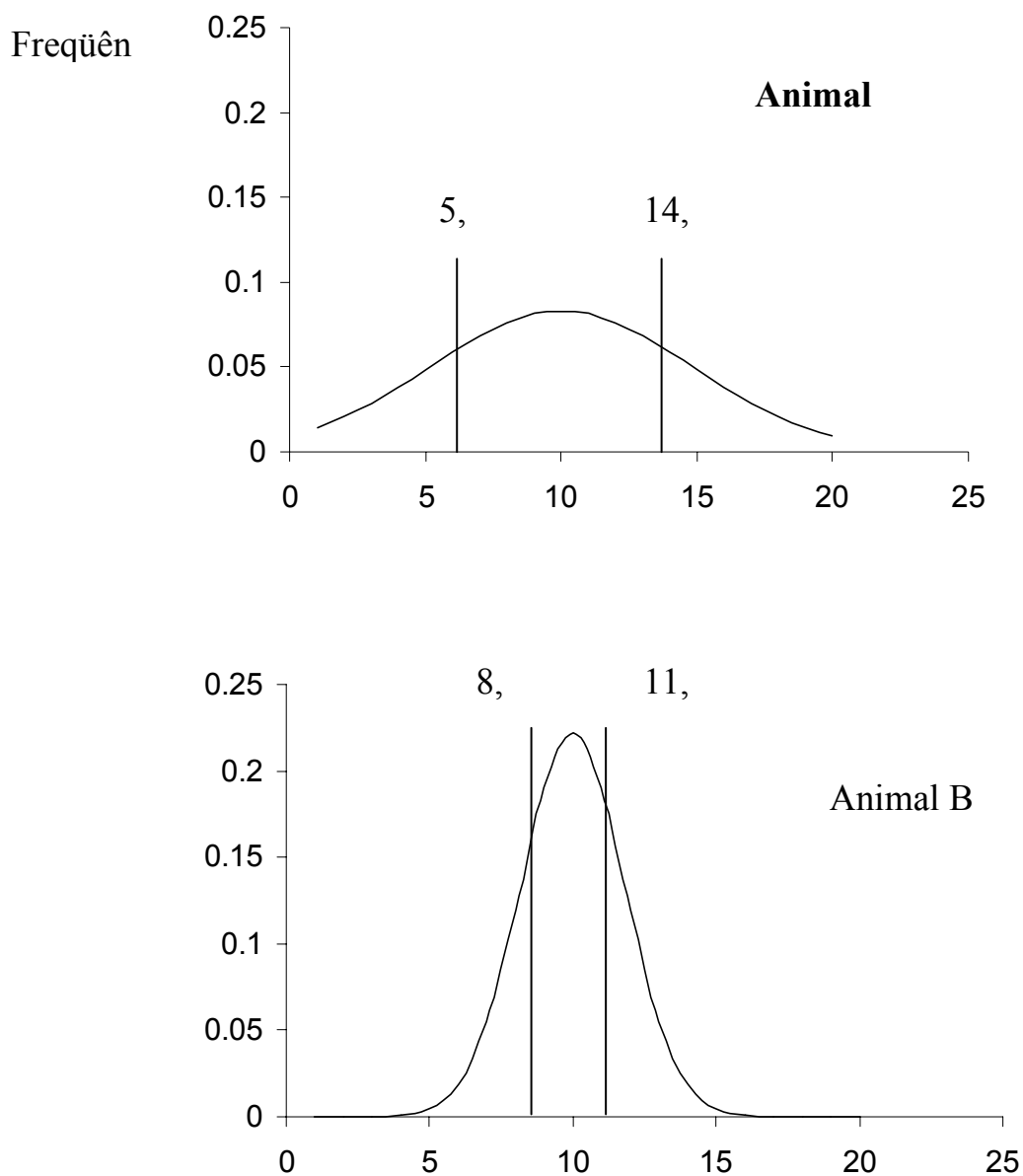


Figura 1. Intervalos de confiança

Predição de diferenças esperadas na progênie

A partir da década de 80 as avaliações genéticas começaram a ser realizadas utilizando-se a teoria dos modelos mistos e a metodologia da Máxima Verossimilhança Restrita, com procedimentos que permitem obter BLUP (best linear unbiased prediction ou melhor preditor linear não-viezado) das DEPs. Essa metodologia tem como principal característica a estimação concomitante dos efeitos fixos (efeito de grupos contemporâneos, por exemplo) e dos efeitos aleatórios, como os efeitos genéticos de touros (modelos touro) e de de animais (modelos animais). Isto possibilitou a realização de avaliações genéticas em grande escala, considerando informações de animais em rebanhos, regiões e mesmo países diferentes.

Os procedimentos analíticos usados para computar as DEPs na verdade descrevem as informações que estão sendo analisadas. Para gado de corte significa um modelo para descrever os fatores de meio e genéticos que influenciam, por exemplo, os pesos dos animais em diferentes idades. Este modelo, além de propriedades estatísticas importantes para a obtenção de predições confiáveis, tem várias características desejáveis a uma avaliação genética, como se segue:

- possibilita a comparação de animais de grupos contemporâneos e/ou rebanhos diferentes uma vez que faz estimação simultânea dos efeitos de meio e genéticos.
- corrige para os efeitos de seleção quando todos os dados utilizados para a seleção forem incluídos nas análises. Pesquisas mostram que, mesmo quando isto não acontece, este método é menos vиеzado por seleção que os índices de seleção.
- utiliza todas as informações disponíveis; isto é informações de desempenho do próprio animal e de seus parentes, como seus pais, irmãos e progênies;
- leva em conta acasalamentos dirigidos. Normalmente o produtor tende a acasalar os melhores touros com a melhores vacas o que pode interferir na estimação genética da DEP do touro. Com modelo animal o valor genético do touro é ajustado para o valor genético da vaca com que ele foi acasalado.
- permite prever os componentes genéticos direto e materno das características. O desempenho dos bezerros, principalmente até a desmama, é influenciado por dois componentes genéticos: o direto, que é o efeito dos genes do animal sobre seu desempenho; e o materno, que é o efeito dos genes da mãe do animal influenciando seu desempenho através do ambiente fornecido pela mãe

(produção de leite + ambiente materno), veja Figura 2. Com o modelo animal é possível a obtenção de DEP's para os dois efeitos. Outro valor que é muito utilizado é o valor materno total. Combina os valores genéticos dos dois componentes, genético direto e materno. A DEP materna total de uma vaca para peso à desmama, é a parte herdável de sua capacidade de produzir peso de bezerro à desmama.

- fornece DEP's para todos os animais, inclusive para aqueles sem desempenho próprio;
- em gado de corte, normalmente, a seleção é feita de forma seqüencial, isto é o produtor seleciona parte dos animais à desmama e somente aqueles que foram mantidos à desmama estarão disponíveis para serem avaliados ao sobreano. Em consequência, a avaliação de touros para esta característica pode ter um viés. A utilização de modelos multi-características pode corrigir para efeitos de seleção seqüencial.

Modelos Estatísticos

Existem vários tipos de modelos que podem ser especificados utilizados para as avaliações genéticas. Os mais comuns são o modelo touro, o modelo touro-avó-materno, o modelo touro-vaca, o modelo animal e o modelo animal reduzido. A definição de qual modelo utilizar vai depender dos objetivos do melhorista, do tipo e número de informações e dos recursos computacionais disponíveis. Os dois modelos mais comumente usados nas avaliações genéticas de animais são o modelo touro e o modelo animal. Em notação matricial, as equações para obtenção dos BLUP sob estes dois modelos serão abordadas a seguir.

Modelo Touro

$$y = X\beta + Z u + e, \text{ em que}$$

y é um vetor para as n de observações (os n pesos à desmama, como exemplo); β é um vetor de p grupos contemporâneos, para os quais se quer obter soluções; X é uma matriz de incidência (ou de endereçamento) da ordem $n \times p$, associando cada observação a cada grupo contemporâneo; u é um vetor de DEP, para todos os t touros incluídos na análise; Z é uma matriz da ordem $n \times t$, associando cada touro às observações de sua progênie; e e é um vetor de resíduos não conhecidos. Para o modelo touro observe que

cada touro tem uma equação e que o desempenho de todos os filhos de um determinado touro são ligados a este touro por meio da matriz Z . Assumindo-se que:

$$\text{Variância} \begin{vmatrix} u \\ e \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} A\sigma_u^2 & 0 \\ 0 & R \end{vmatrix}, \text{ em que}$$

A é a matriz de parentesco entre touros, R é a variância dos resíduos ($R = I\sigma_e^2$) e σ_u^2 é a variância de touro, as equações podem ser formadas como:

$$\begin{array}{ccc} \text{LHS} & & \text{RHS} \\ \begin{vmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{vmatrix} \cdot \begin{vmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{vmatrix} & = & \begin{vmatrix} X'y \\ Z'y \end{vmatrix}, \text{ em que} \end{array}$$

α é a razão entre σ_e^2 e σ_u^2 , ou seja $\sigma_e^2 / \sigma_u^2 = (4-h^2)/h^2$, sendo h^2 a herdabilidade para a característica. Neste sistema, a matriz à esquerda do sinal de igualdade é chamada de *LHS* (*left hand side*) e o vetor à direita do sinal é chamado de *RHS* (*right hand side*). A diagonal da matriz $X'X$ informa o número de progênie em cada classe de efeito fixo (os diferentes grupos contemporâneos). As colunas de $X'Z$ e as linhas de $Z'X$ contêm o número de filhos que cada touro tem em cada grupo contemporâneo (ou outro efeito fixo considerado no modelo). A diagonal da matriz $Z'Z$ contêm o número de progênie de cada touro. Note que na formação das MME, a inversa da matriz de parentesco entre touros é usada. Esta matriz inversa é facilmente formada seguindo-se as regras desenvolvidas por Henderson (1975).

A solução simultânea deste sistema de equações produz estimativas para os efeitos fixos (os grupos contemporâneos, $\hat{\beta}$) e a predição das DEP para touros (os \hat{u}). No anexo 1 é apresentado um exemplo simulado de avaliação genética por meio do modelo touro.

Modelo animal

$$y = X\beta + Z a + e, \text{ em que}$$

y , X e β são os mesmos como definidos para o modelo touro, a é um vetor de valores genético aditivos ou *breeding values* para todos os animais envolvidos nos dados

(touros, vacas e produtos) e Z é uma matriz de incidência, associando cada observação ao animal que a produziu.

Em contraste com o modelo touro, para o modelo animal todos os animais têm uma equação. Da mesma forma como foi feito com o modelo touro, assumindo-se que:

$$\text{Variância} \begin{vmatrix} a \\ e \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & R \end{vmatrix}, \text{ em que}$$

A é a matriz de parentesco entre todos os animais participantes dos dados, as MME sob modelo animal podem ser formadas como:

$$\begin{array}{ccc} \text{LHS} & & \text{RHS} \\ \begin{vmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{vmatrix} \cdot \begin{vmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{a} \end{vmatrix} & = & \begin{vmatrix} X'y \\ Z'y \end{vmatrix}, \text{ em que} \end{array}$$

α agora é a razão entre a variância residual, σ_e^2 e a variância genética aditiva, σ_a^2 , ou seja, $\sigma_e^2 / \sigma_a^2 = (1-h^2)/h^2$. Se um animal não tem observação, sua coluna e linha correspondentes na matriz $Z'Z$, sua coluna em $X'Z$ e sua linha em $Z'X$ são todas nulas (colocam-se zeros naquelas posições). A avaliação deste animal sem observação é obtida pôr meio das informações fornecidas por seus parentes. Se um animal tem uma ou mais observações (como, por exemplo, a produção de leite em várias lactações), este número de observações aparece na diagonal de $Z'Z$ correspondente a este animal.

Além de estimativas para os efeitos genéticos diretos, as avaliações genéticas atuais permitem ainda a partição entre os efeitos genético e materno para características, como o peso à desmama, onde o ambiente materno é importante. Estas características são influenciadas por dois genótipos, o do bezerro e o de sua mãe. Desta forma, é conveniente a obtenção da DEP para ambos os componentes, o genético direto e o relacionado ao ambiente materno. A DEP direta indica à habilidade da progênie em crescer. A DEP materna indica o mérito dos genes da mãe do bezerro, os quais influenciam sua habilidade de prover um determinado ambiente materno para o bezerro.

Na figura 2 é apresentada a associação entre a DEP direta, a DEP materna, a DEP total e o desempenho dos filhos e netos de um determinado touro

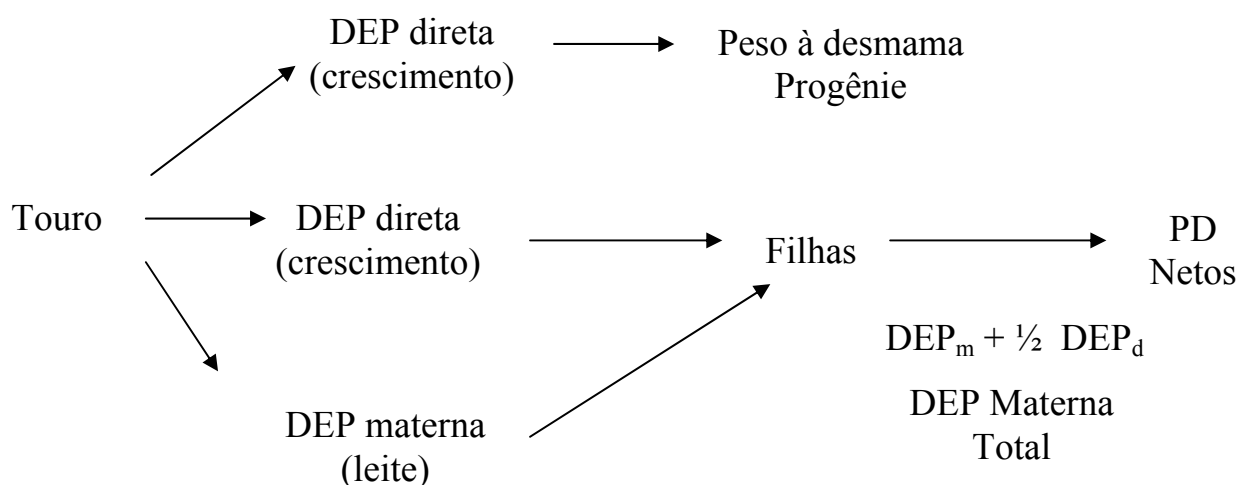


Figura 2. Efeito genético direto e materno.

Com estas avaliações, os produtores podem determinar não apenas o impacto que determinado touro terá sobre sua progênie na desmama, mas também o impacto que suas futuras filhas terão na produção de bezerros na desmama, quando estas se tornarem fêmeas de reposição.

Em Anexo 2 é apresentado um exemplo de modelo animal.

Bibliografia consultada

- Bergmann, J.A.G. Avaliação Genética - Conceitos Básicos. In: *Congresso Brasileiro das Raças Zebuínas*, 1º, Anais, ABCZ, Uberaba, M.G., 1994. p.34-41.
- Bergmann, J.A.G. Modelo Animal, DEP e Acurácia. In: *Curso sobre Avaliação Genética em Bovinos de Corte*. I. Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore, USP, Ribeirão Preto, 1995. p.65-81.
- BIF. *Uniform Guidelines for Beef Improvement Programs*. 2003.
www.beefimprovement.org/guidelines.html
- BOURDON, R. M. *Understanding animal breeding*. Prendice –Hall, New Jersey, 1997. 523p.
- Henderson, C. R. Rapid method for computing the inverse of a relationship matrix. *Journal of Dairy Science*, 58:1727, 1975.
- Van Vleck, L.D., Pollak, E.J., Oltenacu, E.A.B. *Genetics for the Animal Sciences*. W.H.Freeman and Company, New York, 1987. 390p.

ANEXO 1

Exemplo de MME sob modelo touro em duas situações

São dadas as seguintes informações:

Touros	Filhos (identificação)	Rebanho (grupo contemporâneo)	Peso (kg) calculado para 205 dias de idade*
1	1 (5)	B	205
1	2 (6)	B	198
1	3 (7)	A	130
2	1 (8)	A	156
2	2 (9)	A	200
3	1 (10)	B	195
3	2 (11)	A	165
4	1 (12)	B	185
4	2 (13)	B	195
4	3 (14)	A	145

*Pesos ajustados para o sexo do bezerro e para a idade da vaca ao parto.

Adicionalmente, tem-se que touros 1 e 2 são meio-irmãos e que a herdabilidade do peso à desmama seja 0,35. Desta forma, para modelos touro sabe-se que a variância de touro corresponde a $\frac{1}{4}$ da variância genética aditiva e, conseqüentemente, o valor de α será:

$$\alpha = (4 - h^2) / h^2 = (4 - 0,35) / 0,35 = 10,4286.$$

O modelo proposto é:

$$y = X\beta + Z u + e,$$

onde β é o vetor de soluções para os dois rebanhos e u é o vetor de soluções (DEP) para os quatro touros.

Situação 1 (Parentesco entre touros não é considerado):

Omitindo-se o parentesco entre os touros 1 e 2, as MME sob modelo touro, para obtenção de BLUP para o valor genético aditivo serão:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + I\alpha \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

Observe que, como o parentesco entre touros 1 e 2 está sendo ignorado, a matriz de parentesco A é substituída pela matriz identidade, I . As matrizes básicas definidas para este sistema de equações são:

$$X = \begin{bmatrix} 0 & 1 \\ 0 & 1 \\ 1 & 0 \\ 1 & 0 \\ 1 & 0 \\ 0 & 1 \\ 1 & 0 \\ 0 & 1 \\ 0 & 1 \\ 1 & 0 \end{bmatrix}, Z = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}, Y = \begin{bmatrix} 205 \\ 198 \\ 130 \\ 156 \\ 200 \\ 195 \\ 165 \\ 185 \\ 195 \\ 145 \end{bmatrix}, Z' = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 \end{bmatrix}$$

$$X' = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 \end{bmatrix}, I = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

Operações com estas matrizes resultam em:

$$X'X = \begin{bmatrix} 5 & 0 \\ 0 & 5 \end{bmatrix}, X'Z = \begin{bmatrix} 1 & 2 & 1 & 1 \\ 2 & 0 & 1 & 2 \end{bmatrix}$$

$$Z'X = \begin{bmatrix} 1 & 2 \\ 2 & 0 \\ 1 & 1 \\ 1 & 2 \end{bmatrix} \text{ e } Z'Z + I\alpha = \begin{bmatrix} 13,429 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 12,429 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 12,429 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 13,429 \end{bmatrix}$$

Desta forma, pode-se formar o sistema de MME, como se segue:

$$\begin{bmatrix} 5 & 0 & 1 & 2 & 1 & 1 \\ 0 & 5 & 2 & 0 & 1 & 2 \\ \hline 1 & 2 & 13,429 & 0 & 0 & 0 \\ 2 & 0 & 0 & 12,429 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 12,429 & 0 \\ 1 & 2 & 0 & 0 & 0 & 13,429 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \beta_A \\ \beta_B \\ u_1 \\ u_2 \\ u_3 \\ u_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 796 \\ 978 \\ 533 \\ 356 \\ 360 \\ 525 \end{bmatrix}$$

A solução deste sistema é obtida multiplicando-se os dois lados das MME (*LHS* e *RHS*) pela inversa da matriz do lado esquerdo (LHS^{-1}).

$$LHS^{-1} = \begin{array}{c|cc|cc} 0,2265 & 0,0198 & -0,0198 & -0,0364 & -0,0198 & -0,0198 \\ 0,0198 & 0,2330 & -0,0362 & -0,0032 & -0,0203 & -0,0362 \\ \hline -0,0198 & -0,0362 & 0,0813 & 0,0032 & 0,0045 & 0,0069 \\ -0,0364 & -0,0032 & 0,0032 & 0,0863 & 0,0032 & 0,0032 \\ -0,0198 & -0,0203 & 0,0045 & 0,0032 & 0,0837 & 0,0045 \\ -0,0198 & -0,0362 & 0,0069 & 0,0032 & 0,0045 & 0,0813 \end{array}$$

Fazendo-se esta multiplicação produz-se uma matriz identidade do lado esquerdo e um vetor de soluções do lado direito, como se segue:

$$\begin{array}{c|cccc|c} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & \beta_A \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & \beta_B \\ \hline 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & u_1 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & u_2 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & u_3 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & u_4 \end{array} = \begin{array}{c} 158,57 \\ 196,92 \\ -1,45 \\ +3,13 \\ +0,36 \\ -2,04 \end{array} \Rightarrow \begin{array}{c|c} \beta_A & 158,57 \\ \beta_B & 196,92 \\ \hline u_1 & -1,45 \\ u_2 & +3,13 \\ u_3 & +0,36 \\ u_4 & -2,04 \end{array}$$

Desta forma, as soluções para as MME sob modelo touro, quando o parentesco entre os touros 1 e 2 foi omitido foram:

Solução para o rebanho A, $\beta_A = 158,57$ kg

Solução para o rebanho B, $\beta_B = 196,92$ kg

DEP do touro 1, $u_1 = -1,45$ kg

DEP do touro 2, $u_2 = +3,13$ kg

DEP do touro 3, $u_3 = +0,36$ kg

DEP do touro 4, $u_4 = -2,04$ kg

Para cálculo das acurácias deve-se obter as VEP para cada touro a partir do elemento da diagonal da matriz LHS^{-1} referente àquele touro. Como ilustração suponha o valor fictício para σ_a^2 igual a 0,5. Os valores obtidos seriam os seguintes:

Touro	Localização na LHS^{-1}	Valor da VEP	Cálculo da acurácia
1	Linha 3, coluna 3	0,0813	$1 - \sqrt{0,0813/0,5} = 0,5968$
2	Linha 4, coluna 4	0,0863	$1 - \sqrt{0,0863/0,5} = 0,5845$
3	Linha 5, coluna 5	0,0837	$1 - \sqrt{0,0837/0,5} = 0,5909$
4	Linha 6, coluna 6	0,0813	$1 - \sqrt{0,0813/0,5} = 0,5968$

Observe o leitor que, dentre os quatro touros, os de número 1 e 4 são os que possuem maior volume de informações (três filhos distribuídos entre os dois rebanhos). Estes animais obtiveram DEP associadas aos menores PEV (0,0813) e maiores acurácias (0,5968). Touros 2 e 3 possuíam ambos dois filhos, mas touro 3 obteve filhos nos dois rebanhos, enquanto que os dois filhos do touro 2 pertenciam ao rebanho A. Desta forma, o volume de informações utilizado para cálculo da DEP do touro 3 (PEV=0,0837) e acurácia (0,5909) foram maiores do que aqueles associados a DEP do touro 2 (PEV=0,0863 e acurácia = 0,5845).

Situação 2 (Parentesco entre touros é considerado):

Considerando o parentesco entre os touros 1 e 2 como de 0,25 (ou 25 %, por serem meio-irmãos), a matriz de parentesco entre touros, A e sua inversa A^{-1} , substituirão a matriz identidade, I , como se segue:

$$A = \begin{vmatrix} 1 & 0,25 & 0 & 0 \\ 0,25 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{vmatrix}, A^{-1} = \begin{vmatrix} 1,067 & -0,267 & 0 & 0 \\ -0,267 & 1,067 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{vmatrix}, e$$

$$A^{-1}a = \begin{vmatrix} 11,124 & -2,781 & 0 & 0 \\ -2,781 & 11,129 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 10,429 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 10,429 \end{vmatrix}$$

Para esta situação, as MME sob modelo touro, para obtenção dos BLUP para o valor genético aditivo dos touros serão:

$$\begin{vmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{vmatrix} \begin{vmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} X'y \\ Z'y \end{vmatrix}$$

Numericamente, estas equações serão:

$$\begin{array}{cc|cc} 5 & 0 & 1 & 2 \\ 0 & 5 & 2 & 0 \\ \hline 1 & 2 & 14,124 & -2,781 \\ 2 & 0 & -2,781 & 13,124 \\ 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 2 & 0 & 0 \end{array} \cdot \begin{array}{c} \beta_A \\ \beta_B \\ u_1 \\ u_2 \\ u_3 \\ u_4 \end{array} = \begin{array}{c} 796 \\ 978 \\ 533 \\ 356 \\ 360 \\ 525 \end{array}$$

Note que as únicas diferenças provocadas nas MME pela inclusão do parentesco entre os touros 1 e 2 ocorreu nos elementos relacionados a estes touros na matriz *LHS*.

Como na situação 1, a solução deste sistema é obtida multiplicando-se os dois lados das MME (*LHS* e *RHS*) pela apropriada inversa da matriz do lado esquerdo (LHS^{-1}).

$$\begin{array}{cc|cc} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ \hline 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{array} \cdot \begin{array}{c} \beta_A \\ \beta_B \\ u_1 \\ u_2 \\ u_3 \\ u_4 \end{array} = \begin{array}{c} 158,56 \\ 196,63 \\ -0,78 \\ +2,80 \\ +0,39 \\ -2,00 \end{array} \Rightarrow \begin{array}{c} \beta_A \\ \beta_B \\ u_1 \\ u_2 \\ u_3 \\ u_4 \end{array} = \begin{array}{c} 158,56 \\ 196,63 \\ -0,78 \\ +2,80 \\ +0,39 \\ -2,00 \end{array}$$

As soluções para as MME sob modelo touro nas duas situações, quando o parentesco entre os touros 1 e 2 não foi e quando foi considerado foram:

	Situação 1	Situação 2
Solução para o rebanho A, β_A	158,57 kg	158,56 kg
Solução para o rebanho A, β_B	196,92 kg	196,63 kg
DEP do touro 1, u_1	-1,45 kg	-0,78 kg
DEP do touro 2, u_2	+3,13 kg	+2,80 kg
DEP do touro 3, u_3	+0,36 kg	+0,39 kg
DEP do touro 4, u_4	-2,04 kg	-2,00 kg

Com estas duas situações fica demonstrado como a inclusão de uma informação de pedigree (o parentesco entre touros 1 e 2) influencia as soluções para os efeitos genéticos (DEP) e fixos (rebanhos ou grupos contemporâneos).

ANEXO 2

Exemplo de MME sob modelo animal

Considere os mesmos dados da exemplo anterior (modelo touro) e, para maior simplicidade, omita o parentesco entre touros 1 e 2 (situação 2).

O modelo proposto é:

$$y = X\beta + Z a + e,$$

em que β é o vetor de soluções para os dois rebanhos e a é o vetor de soluções (*breeding values*) para todos os animais, os 10 produtos com observações ($a_{c/obs.}$) e os quatro touros ($a_{s/obs.}$). As MME para este modelo são descritas como:

$$\begin{vmatrix} X'X & X'Z & 0 \\ Z'X & Z'Z + A^{11} & A^{12} \\ 0 & A^{21} & A^{22} \end{vmatrix} \cdot \begin{vmatrix} \beta \\ a_{c/obs.} \\ a_{s/obs.} \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} X'Y \\ Z'Y \\ 0 \end{vmatrix}$$

Para este sistema de MME, a matriz X e o vetor Y são idênticos aos definidos para o modelo touro (situações 1 e 2). A matriz Z é uma matriz identidade de dimensão 10 x 10, associando as 10 observações (pesos) aos dez animais que as tiveram. As matrizes A^{11} , A^{12} , A^{21} e A^{22} são partições do inverso da matriz de parentesco A^{-1} , relacionadas ao parentesco existente entre os 10 animais que tiveram observações (A^{11}), ao parentesco entre os quatro touros (A^{22}) e ao parentesco entre touros e animais que tiveram observações (A^{12} e A^{21}). Os zeros do *LHS* e *RHS* das MME informam ao sistema que quatro animais (os touros) não forneceram observações (pesos) Para modelos animais sabe-se que a variância de animal corresponde à totalidade da variância genética aditiva e, conseqüentemente, para $h^2 = 0,35$ o valor de α será:

$$\alpha = (1 - h^2) / h^2 = (1 - 0,35) / 0,35 = 11,8571$$

Numericamente, as MME para obtenção de soluções sob modelo animal são como se seguem:

5	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	796	β_A
0	5	1	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	978	β_B
0	1	3,476	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-1,238	0	0	0	205	a_5
0	1	0	3,476	0	0	0	0	0	0	0	0	-1,238	0	0	0	198	a_6
1	0	0	0	3,476	0	0	0	0	0	0	0	-1,238	0	0	0	130	a_7
1	0	0	0	0	3,476	0	0	0	0	0	0	0	-1,238	0	0	156	a_8
1	0	0	0	0	0	3,476	0	0	0	0	0	0	-1,238	0	0	200	a_9
0	1	0	0	0	0	0	3,476	0	0	0	0	0	0	-1,238	0	195	a_{10}
1	0	0	0	0	0	0	0	3,476	0	0	0	0	0	-1,238	0	165	a_{11}
0	1	0	0	0	0	0	0	0	3,476	0	0	0	0	0	-1,238	185	a_{12}
0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	3,476	0	0	0	0	-1,238	195	a_{13}
1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3,476	0	0	0	-1,238	145	a_{14}
0	0	-1,238	-1,238	-1,238	0	0	0	0	0	0	0	3,714	0	0	0	0	a_1
0	0	0	0	0	-1,238	-1,238	0	0	0	0	0	0	3,095	0	0	0	a_2
0	0	0	0	0	0	0	-1,238	-1,238	0	0	0	0	0	3,095	0	0	a_3
0	0	0	0	0	0	0	0	0	-1,238	-1,238	-1,238	0	0	0	0	3,714	a_4

Como nas situações 1 e 2, a solução deste sistema é obtida multiplicando-se os dois lados das MME (*LHS* e *RHS*) pela inversa da matriz do lado esquerdo (LHS^{-1}). As soluções para as MME sob modelo animal (parentesco entre os touros 1 e 2 foi ignorado) são listadas a seguir. São também apresentadas as soluções obtidas pelo modelo touro, para a mesma situação.

<u>Soluções pelo modelo animal</u>	<u>Soluções pelo modelo touro</u>
------------------------------------	-----------------------------------

Solução para o rebanho A, $\beta_A = 158,57\text{kg}$	$\beta_A = 158,57\text{kg}$
Solução para o rebanho B, $\beta_B = 196,92\text{ kg}$	$\beta_B = 196,92\text{ kg}$
<i>Breeding value</i> do animal 5, $a_5 = +1,29\text{ kg}$	-
<i>Breeding value</i> do animal 6, $a_6 = -0,72\text{ kg}$	-
<i>Breeding value</i> do animal 7, $a_7 = -9,25\text{ kg}$	-
<i>Breeding value</i> do animal 8, $a_8 = +1,49\text{ kg}$	-
<i>Breeding value</i> do animal 9, $a_9 = +14,14\text{kg}$	-
<i>Breeding value</i> do animal 10, $a_{10} = -0,30\text{ kg}$	-
<i>Breeding value</i> do animal 11, $a_{11} = +2,11\text{ kg}$	-
<i>Breeding value</i> do animal 12, $a_{12} = -4,89\text{ kg}$	-

<u>Soluções pelo modelo animal</u>	<u>Soluções pelo modelo touro</u>
------------------------------------	-----------------------------------

(cont.)

<i>Breeding value</i> do animal 13, $a_{13} = -2,01\text{ kg}$	-
<i>Breeding value</i> do animal 14, $a_{14} = -5,36\text{ kg}$	-
<i>Breeding value</i> do touro 1, $a_1 = -2,90\text{ kg}$	DEP do touro 1, $u_1 = -1,45\text{ kg}$
<i>Breeding value</i> do touro 2, $a_2 = +6,26\text{ kg}$	DEP do touro 2, $u_2 = +3,13\text{ kg}$

Breeding value do touro 3, $a_3 = +0,72$ kg

DEP do touro 3, $u_3 = + 0,36$ kg

Breeding value do touro 4, $a_4 = -4,08$ kg

DEP do touro 3, $u_3 = - 2,04$ kg

Note que o modelo touro produz as mesmas soluções para efeitos fixos (neste exemplo, grupo contemporâneo ou rebanho) e efeitos aleatórios, sendo que o modelo touro produz DEP de touros e o modelo animal produz *breeding values* (2 x DEP) para todos os animais envolvidos na avaliação.