

*Teorias e métodos em  
melhoramento genético animal*

# Seleção

**Joanir Pereira Eler**

Médico Veterinário, Doutor em Ciências

PROFESSOR TITULAR  
DEPARTAMENTO DE MEDICINA VETERINÁRIA  
FACULDADE DE ZOOTECNIA E ENGENHARIA DE ALIMENTOS  
UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO

$$\Delta G_X = ir_{IA} \sqrt{h^2} \sigma_{P_X}$$



**Pirassununga- SP**  
**Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos**  
**Universidade de São Paulo**  
**2017**

DOI: 10.11606/9788566404135

*Teorias e métodos em  
melhoramento genético animal*

# Seleção

**Joanir Pereira Eler**

Médico Veterinário, Doutor em Ciências

PROFESSOR TITULAR  
DEPARTAMENTO DE MEDICINA VETERINÁRIA  
FACULDADE DE ZOOTECNIA E ENGENHARIA DE ALIMENTOS  
UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO

**Pirassununga- SP**  
**Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos**  
**Universidade de São Paulo**  
**2017**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação

Serviço de Biblioteca e Informação da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos  
da Universidade de São Paulo

E39t Eler, Joanir Pereira  
Teorias e métodos em melhoramento genético animal :  
seleção. / Joanir Pereira Eler. -- Pirassununga :  
Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da  
Universidade de São Paulo, 2017. 177 p. : il. --  
(Teorias e métodos em melhoramento genético animal ; 2)  
  
ISBN 978-85-66404-13-5 (e-book)  
DOI: 10.11606/9788566404135  
  
1. Intensidade seletiva 2. Ganho genético 3. Fontes  
de informação 4. Índices de seleção 5. Predição genética  
6. BLUP. I. Título.

# *Apresentação*

Existem, nas bibliotecas brasileiras, bons livros de melhoramento animal, nacionais e estrangeiros. Não temos a pretensão de imaginar que estamos “inventando a roda” do material didático nesta área. Apenas compilamos o material das disciplinas que vimos ministrando há quase trinta anos e, que, em nossa maneira de ver, é direcionado para o desenvolvimento teórico de temas relacionados com os dois pilares do melhoramento genético animal: seleção e sistemas de acasalamento.

Temos enfatizado ao longo desses anos de docência e pesquisa, associados também a uma experiência de muitos anos de trabalho em avaliação genética de reprodutores, seleção e acasalamentos dirigidos, que, se os conceitos forem bem definidos e se as equações empregadas para explicar esses conceitos forem deduzidas de forma adequada, o aluno pode adquirir um embasamento teórico muito importante para suas tomadas de decisão na prática de campo.

Ainda persistem na pecuária brasileira, alguns dogmas e mitos que tiveram origem na tradição e na gestão familiar a que os sistemas de produção foram submetidos durante muitos anos. Mesmo que esses sistemas sejam hoje geridos de forma muito mais técnica, os profissionais recém-formados ainda são confrontados com práticas não respaldadas cientificamente. Se esses profissionais chegarem ao mercado de trabalho sem os conhecimentos teóricos necessários, eles podem sucumbir e mesmo aderir, sem questionamento, a essas práticas não validadas pela ciência.

Por outro lado, o conhecimento prático advindo do sistema de produção é de grande importância na formação do profissional. O produtor, o pecuarista, dono do capital e dos riscos, pode, mais do que qualquer outro, contribuir para o direcionamento do seu próprio sistema de produção. Mas esse produtor precisa estar embasado nos conceitos teóricos ou assessorado por quem tem esse embasamento. O contrário não é válido, ou seja, o profissional não pode abandonar os conceitos teóricos e simplesmente aderir às práticas não comprovadas. E para que isto não ocorra, ele precisa, como egresso da Universidade, levar para o campo os conhecimentos teóricos bem fundamentados, mesmo tendo que adquirir a prática dentro do próprio sistema de produção. De posse do conhecimento teórico, o profissional passa a dispor de um filtro que deixa passar em suas malhas toda a contribuição e experiência dos atores envolvidos no sistema de produção, mas impede a passagem de práticas não respaldadas técnica e cientificamente.

Em relação a essa formação teórica, fazemos aqui um pequeno comentário: nos sistemas de cruzamento em bovinos, uma equação descreve os fatores envolvidos na ocorrência da heterose e explica em que situação ela pode ser maior ou menor ou mesmo pode não ocorrer. Por outro lado, outra equação descreve os fatores envolvidos e explica por que, nos acasalamentos entre animais aparentados, a média da progênie é invariavelmente menor do que a da população base. Os profissionais precisam chegar ao mercado de trabalho conhecendo muito bem essas duas equações, pois, com elas, ele pode, primeiramente, se convencer e depois, convencer o pecuarista a adotar sistemas de acasalamento que comprovadamente levem a resultados positivos em termos de aumento de produtividade. Da mesma forma, muitas outras equações explicam aspectos fundamentais nos sistemas de produção. Infelizmente poucos são os profissionais que já as levam bem fundamentadas a partir da Universidade.

Assim, este livro tem como objetivo principal servir como material básico nas disciplinas de Melhoramento Genético Animal ministradas aos nossos alunos de Graduação e de Pós-Graduação em Zootecnia e Medicina Veterinária, possibilitando o embasamento teórico necessário. Nos três livros que compõem este título, primeiramente definimos os conceitos mais importantes de genética populacional e quantitativa, parentesco e endogamia e aplicamos alguns métodos estatísticos simples, mas fundamentais, na estimação dos parâmetros genéticos, de modo a fundamentar as bases em que repousa o melhoramento genético animal. No segundo livro trabalhamos os conceitos de predição do mérito genético e seleção utilizando diversas fontes de informação. As fontes de informação se referem ao desempenho fenotípico relativo

do animal avaliado ou de seus parentes. No terceiro livro, dispoño dos machos e fêmeas selecionados, discutimos alguns sistemas de acasalamento que levam ao aumento de produtividade sem onerar demasiadamente os custos, ou seja, sistemas que resultam em maior retorno econômico.

Algumas instituições foram de suma importância no desenvolvimento da nossa carreira docente e de pesquisa. Entre elas gostaríamos de mencionar o Colégio Agrícola de Santa Teresa (atualmente IFES - Santa Teresa, ES) onde, cursando o Ginásio Agrícola e o Técnico em Agricultura, aprendemos a ser profissionais e recebemos o molde de cidadãos. Ingressamos, em seguida, na Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, onde nos graduamos em Medicina Veterinária. O Mestrado na École Nationale Vétérinaire de Toulouse, França foi a primeira experiência internacional e contribuiu para nosso amadurecimento acadêmico. Devemos muito à Embrapa - Centro de Pesquisas Pecuárias do Sudeste. Foi onde iniciamos a carreira de pesquisador e foi quem nos permitiu obter o Doutorado em outra grande instituição, a Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto/USP - Departamento de Genética. Por último, porém não menos importante, citamos a Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia (FMVZ/USP) e a Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos (FZEA/USP), instituições nas quais nossa carreira de docência e de pesquisa foram estabelecidas em definitivo. São 29 anos nessas duas instituições, incluindo um período de Pós-Doutorado na Universidade do Nebraska - Lincoln, EUA.

Dedicamos este livro a todos os profissionais que, como nós, são verdadeiramente apaixonados pelo Melhoramento Genético Animal.

*Joanir Pereira Eler*

Professor Titular / Departamento de Medicina Veterinária / Pesquisador 1C do CNPq  
Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos  
Universidade de São Paulo

# Sumário

## Prefácio

ix

## Seleção

1

<i>Tipos de Seleção</i>	1
Seleção Natural	1
Seleção Artificial	1
<i>Crítérios de Seleção</i>	1
Seleção Fenotípica	1
Seleção Fenotípica Morfológica	1
Seleção Fenotípica Fisiológica	2
Seleção Genética	2
<i>Seleção x Modos de Ação Gênica</i>	2
<i>Efeitos Genéticos da Seleção</i>	2
<i>Seleção x Meio Ambiente</i>	3
<i>Métodos de Seleção</i>	3
Seleção Utilizando Apenas Uma Fonte de Informação	3
Seleção Utilizando Múltiplas Fontes de Informação	3

## Seleção Utilizando Apenas Uma Fonte de Informação

4

<i>Seleção Fenotípica Individual</i>	4
Seleção Fenotípica Individual Utilizando Um Único Registro de Produção	5
Diferencial de Seleção	5
Intensidade de Seleção	7
Cálculo da Intensidade Seletiva	8
Intensidade Seletiva de Acordo com a Porcentagem de Seleccionados	9
Exemplos	10
Progresso Genético ou Resposta à Seleção	11
Equação da Resposta e o Método de Seleção	14
Exemplos de Cálculos da Resposta à Seleção	14
Herdabilidade Realizada	16
Predição do Mérito Genético	16
Equação de Predição do Valor Genético	17

Acurácia da Predição	18
Acurácia Baseada no Desempenho Fenotípico Individual	19
Equação Geral da Resposta à Seleção	19
Predição do Mérito Genético - Proposta de Seleção - Exercício	20
Exercícios Propostos	25
<i>Seleção Fenotípica Usando Medidas Repetidas</i>	26
Predição do valor Genético	26
Equação do Valor Genético e Equação da Acurácia	28
Resposta à Seleção	29
Estimação do Mérito Genético de Uma Vaca Leiteira	29
Capacidade Mais Provável de Produção	35
Estimação da Capacidade Mais Provável de Produção	37
Regressão na Quantidade de Informações	41
Benefício da Dúvida	41
Baixa Acurácia - Risco x Oportunidade	41
Exercício Resolvido - Seleção em Gado Leiteiro	42
Exercícios Propostos	45
<i>Seleção Fenotípica Individual Usando Informação da Família</i>	46
Critérios Para a Seleção Familiar	47
Procedimentos na Seleção Familiar	47
Seleção Fenotípica Individual	47
Seleção Entre Famílias	47
“Sib Selection” - Teste de irmãos	47
Seleção Dentro de Famílias	48
Seleção Combinada	48
Mérito Relativo dos Métodos	48
Resposta à Seleção Entre Famílias	51
Resposta à Seleção Dentro de Famílias	52
Resposta à Seleção Combinada	53
Exemplo 1- Seleção Para Peso à Desmama em Coelho	54
Estimação da Correlação Intra-Clase	54
Correlação Intra-Clase e Resposta à Seleção	56
Seleção Combinada	57
Exemplo 2- Seleção Para Peso Pós-Desmama em Coelho	60
<i>Seleção Com Base na Média de Um Grupo de Parentes</i>	70
Estabelecimento da Equação de Predição do Valor Genético	71
Acurácia e Resposta à Seleção	72

<i>Seleção Com Base em Informações de Pedigree</i>	74
Seleção com Base na Média de <b>n</b> Meio-Irmãos	74
Exercício - Proposta de Seleção	75
<i>Seleção Com Base em Informações da Progénie</i>	77
Princípio do Teste de Progénie	77
Seleção com Base na Média de <b>n</b> Progénies	77
Exercício - Proposta de Seleção 10 Progénies	79
<i>Seleção Com Base em Informações de <b>p</b> medidas de <b>n</b> Parentes</i>	82
Exercício - Proposta de Seleção - <b>p</b> Medidas de <b>n</b> Parentes	79
Acurácia da Predição Genética de Acordo com a Herdabilidade	89
Alguma Equações de Predição do Valor Genético	89
Fatores Que Alteram a Acurácia da Predição Genética	91
Fatores Que Alteram a Resposta à Seleção	91
Exercícios Propostos	92

## *Seleção Utilizando Múltiplas Fontes de Informação* 93

<i>Índice de Seleção</i>	93
Propriedades do Índice de Seleção	94
Expressão do Índice	94
Estabelecimento do Índice de Seleção	95
Estabelecimento das Equações Gerais do Índice	96
Equações Para o Cálculo das Variâncias e Covariâncias	97
Variâncias e Covariâncias Fenotípicas (Matriz P)	97
Covariâncias Genéticas (Vetor G)	98
Resumo das Variâncias e Covariâncias - Equações	99
Acurácia do Índice de Seleção	99
Intervalo de Confiança	100
Exemplo de Construção de Índices	100
1. Seleção Baseada no Valor Fenotípico Individual (P/ Comparar)	100
2. Índice Baseado no Desempenho Fenotípico Individual + Um Meio-Irmão	102
3. Índice Baseado no Desempenho Fenotípico + Média de <b>n</b> Meio-Irmãos	107
4. Índ Baseado no Des. Fenotípico + $n_1$ Meio-Irmãos Paternos + $n_2$ Progénies	111
Resposta à Seleção Dependendo do Método de Predição	118
5. Índice Com Quatro Fontes	118
<i>Ênfase Proporcional das Diferentes Fontes de Informação</i>	126
<i>Correlação Ambiental</i>	127
<i>Fatores Que Influenciam o Progresso Genético</i>	127



## *Predição Genética Com Base em Modelos Mistos* 130

<i>Avaliação Genética em Larga Escala</i>	130
<i>Modelo Animal</i>	130
<i>Predição Genética Pelo BLUP</i>	130
<i>Exemplo de Avaliação Genética Por Modelo Animal</i>	132
<i>Predição Genética Usando Modelos Mistos</i>	133
<i>Equações de Henderson</i>	133
<i>Variância dos Erros de Predição e Acurácia</i>	139
<i>Cálculo da Acurácia</i>	140
<i>Exercícios Propostos</i>	141

## *Seleção Simultânea Para Múltiplas Características* 142

<i>Introdução</i>	142
<i>Seleção Direta x Seleção Indireta</i>	142
<i>Relação Entre Duas Características</i>	143
<i>Resposta Correlacionada - Estabelecimento da Equação</i>	143
<i>Exemplos</i>	146
<i>Valor Genético Agregado - Objetivo de Seleção</i>	149
<i>Valor Econômico Relativo ou Ênfase Econômica Relativa</i>	150
<i>Métodos de Seleção Para Mais de Uma Característica</i>	151
<i>Método Unitário ou Seleção em Tandem</i>	151
<i>Resposta à Seleção em Tandem</i>	151
<i>Método dos Níveis Independentes de Rejeição</i>	152
<i>Método dos Índices de Seleção</i>	153
<i>Predição do Valor Econômico Total</i>	153
<i>Índice de Seleção Para Múltiplas Características</i>	154
<i>Exemplo da Construção de Índice</i>	154

## *Literatura Citada e Literatura Adicional* 163

## *Tabelas Estatísticas* 166

# *Prefácio*

Fazer o prefácio de um livro sobre melhoramento genético animal, escrito por um colega de trabalho de 29 anos é uma enorme responsabilidade.

O Prof. Joanir Pereira Eler, tem uma formação profissional muito interessante. Oriundo da área rural do leste de Minas Gerais, mais especificamente de Conselheiro Pena, vale do Rio Doce, teve sua educação baseada em escolas de formação ligada ao meio rural. Fez os cursos: Ginásio Agrícola e Técnico Agrícola no conceituado Colégio Agrícola de Santa Teresa, ES. Em seguida ingressou na Faculdade de Medicina Veterinária da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, o famoso “km 47”, onde se formou em 1974. Durante a graduação estudou francês na própria Universidade que, nessa época, já se preocupava com internacionalização de suas atividades.

Saindo da UFRRJ, trabalhou por um breve período como Veterinário de campo no Espírito Santo e como Extensionista da EMATER no Paraná e, em seguida, partiu para um programa de mestrado em reprodução animal, em Toulouse, França, onde, agora como funcionário da Embrapa. Ao retornar ao Brasil foi lotado num projeto de melhoramento genético de gado leiteiro, no atual Centro de Pesquisas Pecuárias do Sudeste, em São Carlos, SP. Esse fato foi determinante na sua definição profissional. Inquieto com seus conhecimentos de Genética e Melhoramento Animal, ainda incompletos, tomou a decisão de fazer um doutorado nessa área. Aceito no programa de Genética da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, da Universidade de São Paulo, sob a orientação do Prof. Dr. Raysildo Barbosa Lôbo e, com grande apoio do Prof. Dr. Francisco Alberto de Moura Duarte, o então pesquisador da Embrapa solidificou seus conhecimentos de genética quantitativa. Terminado seu doutorado, em 1987, Joanir retornou à Embrapa de São Carlos e, em 1988 resolveu alçar novos vãos, tendo sido contratado pela Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade de São Paulo, no Departamento de Produção Animal localizado em Pirassununga, SP. Eu fui contratado uma semana depois e nos identificamos de imediato, começando uma colaboração técnico científica que permanece ativa e produtiva até hoje.

Em 1991 eu fui realizar um estágio de Pós Doutorado na Universidade de Nebraska, em pleno meio-oeste dos Estados Unidos. Alguns meses antes de meu retorno o Joanir chegou com sua família, lá permanecendo do segundo semestre de 1992 ao começo de 1994, sob supervisão do Dr. L. D. Van Vleck, na época o máximo expoente da aplicação do modelo animal na avaliação genética.

Retornando à USP, em Pirassununga, o Prof. Dr. Joanir Eler optou por ser realocado na Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, recém-nascida oriunda da Faculdade de Medicina Veterinária. No segundo semestre desse ano Joanir foi procurado por uma grande empresa agropecuária, a Agro-Pecuária CFM Ltda., empresa de capital inglês que solicitou que fizéssemos as avaliações genéticas de seus programas de seleção na raça Nelore e do grupamento de bovinos de corte compostos Montana Tropical. Nascia uma colaboração que já dura mais de 23 anos e que levou à fundação do Grupo de Melhoramento Animal – o GMA, da USP, mais tarde transformado no GMAB – Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia e, em 2013, no Centro de Pesquisas em Melhoramento Animal, Biotecnologia e Transgenia da USP. Este grupo realizou, em seus 23 anos de existência, dezenas de avaliações genéticas de bovinos de corte e ovinos, lançando sumários de reprodutores que contribuíram de modo muito importante para os avanços da pecuária de corte no Brasil nas últimas décadas.

O Prof. Joanir é autor de mais de 150 artigos científicos, centenas de trabalhos apresentados em congressos, orientou dezenas de estudantes de Iniciação Científica, Mestrado, Doutorado e Pós-Doutorado,

sendo Pesquisador Nível 1 do CNPq, um reconhecimento ao seu valor como desenvolvedor de conhecimentos e formação de recursos humanos de qualidade.

Sua sólida formação em Genética Quantitativa, associada aos 29 anos de docência nas disciplinas ligadas ao Melhoramento Genético Animal e à sua experiência de mais de duas décadas de intensa integração com o meio pecuário, encorajaram o Prof. Joanir a reunir suas notas de aulas, revisá-las e transformá-las num livro em três tomos, ora lançado pelo Portal de Livros Abertos da USP.

Essa obra será, sem a menor dúvida, referência para todos aqueles ligados ao melhoramento animal – técnicos, professores, alunos e criadores, uma obra que traz os principais conceitos técnicos, suas aplicações e importância, essencial num país que firma a cada dia sua importância como grande produtor de alimentos.

Para mim é uma honra ter tido a oportunidade de ser companheiro de trabalho do Prof. Joanir nesses últimos 29 anos e ter sido convidado a escrever esse prefácio. Boas leituras e façam o maior uso possível dos conhecimentos gerados por esse livro.

Pirassununga, Agosto de 2017.

*José Bento Sterman Ferraz*  
Professor Titular da FZEA/USP

# Seleção

Em uma população em equilíbrio de Hardy-Wenberg, a frequência relativa dos alelos e as proporções genótípicas são mantidas estáveis ao longo do tempo. Do ponto de vista do melhoramento animal, não está progredindo nem regredindo geneticamente. Para modificar esta estabilidade é necessário o emprego de forças capazes de alterar as frequências gênicas, aumentando o número dos genes que atendam aos objetivos do melhoramento. Uma dessas forças é a seleção, processo pelo qual são escolhidos os melhores animais para serem acasalados entre si. A seleção induz à reprodução diferenciada que leva a concentrar, na população, os patrimônios genéticos desejáveis, reduzindo-se, conseqüentemente, os indesejáveis.

## ***Tipos de Seleção***

Dois tipos devem ser considerados: natural e artificial

*Seleção Natural* → é um processo extremamente complicado em que muitos fatores determinam a proporção de indivíduos que irão se reproduzir. Entre esses fatores podem ser citados:

- a. diferenças nas taxas de mortalidade dos indivíduos da população
- b. diferenças na duração do período de atividade sexual
- c. diferenças no grau de atividade sexual
- d. diferenças nas taxas de fertilidade

A seleção natural se processa pela sobrevivência dos indivíduos mais adaptados e com isso, há uma tendência pela eliminação dos genes deletérios ou "defectivos" que surgem por mutação.

*Seleção Artificial* → é o resultado da atuação do homem no sentido de aumentar a frequência de genes ou de combinações gênicas desejáveis na população por meio do acasalamento dos indivíduos com desempenho superior ou daqueles que têm habilidade para produzir filhos com desempenho superior, quando acasalados com indivíduos de outras linhas ou raças.

## ***Crítérios de Seleção***

Conceitualmente, dois critérios podem ser aqui considerados: seleção fenotípica e seleção genotípica.

*Seleção Fenotípica* → os indivíduos são escolhidos com base em seus valores fenotípicos. Pode ser morfológica ou fisiológica.

*Seleção fenotípica morfológica* → baseia-se no exterior do animal, ou seja, em suas características morfológicas como pelagem, conformação, padrões raciais etc. O valor desse tipo de seleção como instrumento

para promover o progresso genético das populações no sentido produtivo é limitado por três fatores principais:

- a. baixa correlação entre caracteres morfológicos e produtivos
- b. grande influência do meio ambiente
- c. ação gênica não aditiva

*Seleção fenotípica fisiológica* → é um tipo de seleção na qual são utilizados os valores das produções dos indivíduos, valores esses que são manifestações fisiológicas. As produções de leite, carne e ovos são exemplos deste tipo de atividade. Embora seja mais eficiente do que a seleção morfológica para imprimir progresso produtivo nas populações, está sujeita aos erros decorrentes da ação gênica não aditiva e dos desvios causados pelo ambiente.

*Seleção Genética* → neste tipo de seleção os indivíduos são escolhidos com base em seus valores genéticos aditivos. Como não se pode separar (individualizar) os genes, empregam-se então processos indiretos para estimar (predizer) os valores genéticos. Esses procedimentos são chamados de "avaliação genética".

### ***Seleção x Modo de Ação Gênica***

*Ação aditiva* - Para as características determinadas pela ação aditiva consegue-se por meio da seleção, melhoramento que será acumulado na população. Mesmo cessado o trabalho seletivo, o ganho genético não será alterado

*Ação não aditiva* - Quando a expressão fenotípica depende da ação não aditiva (dominância e epistasia), a manutenção do ganho genético depende da continuidade da seleção.

### ***Efeito Genético da Seleção***

Para efeito de demonstração, considere-se uma população hipotética composta de indivíduos **AA** e **aa**. De acordo com o teorema de Hardy-Wenberg, tem-se:

Geração	Acasala	Frequência dos acasalamentos	Descendentes			Freq. Gên.	
			AA	Aa	aa	p	q
Parental	AA x aa	1,00	-	1,00	-	0,50	0,50
F <sub>1</sub>	Aa x Aa	1,00	0,25	0,50	0,25	0,50	0,50
F <sub>2</sub>	AA x AA	0,0625	0,0625	-	-		
	AA x Aa	0,2500	0,1250	0,1250	-		
	AA x aa	0,1250	-	0,1250	-		
	Aa x Aa	0,2500	0,0625	0,1250	0,0625	-	-
	Aa x aa	0,2500	-	0,1250	0,1250		
	aa x aa	0,0625	-	-	0,0625		
Total		1,00	0,25	0,50	0,25	0,50	0,50

### *Efeito Genético da Seleção*

Descartando-se os indivíduos *aa*, na geração  $F_2$  as frequências genotípicas serão:

$$\frac{0,25}{0,75} = 0,33(AA) \quad e \quad \frac{0,50}{0,75} = 0,67(Aa)$$

Os acasalamentos serão:

Geração	Acasala	Frequência dos acasalamentos	Descendentes			Freq Gênica <sup>@</sup>	
			AA	Aa	aa	p	q
Parental	AA x aa	1,00	-	1,00	-	0,50	0,50
F <sub>1</sub>	Aa x Aa	1,00	0,25	0,50	*	0,67	0,33
F <sub>2</sub>	AA x AA	0,11	0,11	-	-		
	AA x Aa	0,44	0,22	0,22	-	-	-
	Aa x Aa	0,44	0,11	0,22	0,11		
Total		1,00	0,44	0,44	0,11	0,67	0,33

\* → Descartado; @ →  $p = f(A)$  e  $q = f(a)$

*Conclusão:* a seleção não cria novos genes, mas aumenta a frequência de genes desejáveis (selecionados) na população e diminui, conseqüentemente, a frequência dos genes indesejáveis.

### ***Seleção x Meio Ambiente***

Quando se comparam animais pelos seus fenótipos, não se consegue avaliar corretamente as influências que o meio ambiente exerceu sobre cada um deles.

Um bezerro mais desenvolvido pode ter atingido o melhor peso por ser filho de uma vaca na idade adulta enquanto outro menos desenvolvido pode ter sido filho de uma vaca jovem. Um tourinho pode apresentar determinado fenótipo por ter sido suplementado e outro geneticamente superior, apresentar fenótipo inferior por não ter sido suplementado. Várias outras situações podem se apresentar de modo que o efeito do ambiente interfira na comparação (alimentação, manejo etc.).

### ***Métodos de Seleção***

Os métodos de seleção confundem-se com os métodos de predição do mérito genético. De acordo com as fontes de informação utilizadas, os métodos podem ser classificados em:

a. Seleção utilizando apenas uma fonte de informação

b. Seleção utilizando múltiplas fontes de informação

# ***Seleção Utilizando Apenas uma Fonte de Informação***

Três grupos de fontes de informação podem ser consideradas:

1. Valor fenotípico (desempenho) do próprio indivíduo a ser avaliado (seleção fenotípica)
2. Média de desempenho de um grupo de parentes [ancestrais, como pai, mãe, avós e outros ou colaterais, como irmãos, primos e outros (seleção pelo pedigree)]
3. Média de desempenho de um grupo de descendentes (seleção pela progênie)

Nos desenvolvimentos a seguir, apenas uma das fontes será utilizada na predição do mérito genético.

O termo *desempenho* é definido como o valor fenotípico do animal, dado como desvio da média do grupo contemporâneo. O grupo contemporâneo envolve um conjunto de animais que permaneceram juntos durante determinada fase da vida. Por exemplo, grupo de contemporâneo de desmama se referindo aos animais, do mesmo sexo, que permaneceram juntos do nascimento até à desmama. Ou seja, o grupo contemporâneo se refere a um grupo de animais que tiveram a mesma oportunidade de expressar o seu fenótipo em determinada fase da vida.

## ***Seleção Fenotípica Individual***

É a seleção baseada unicamente no desempenho do próprio indivíduo a ser avaliado. O animal é selecionado para a característica desejada, com base no seu valor fenotípico para esta característica. Em geral, para uma determinada característica, os animais apresentam apenas uma medida fenotípica (para peso à desmama, por exemplo, o animal apresenta apenas uma medida de desempenho, pois ele só é desmamado uma vez na vida). Por outro lado, se a característica for a produção de leite, a fêmea poderá apresentar várias lactações. Trata-se, então, de uma característica repetível e, neste caso, a utilização dessas medidas repetidas aumenta a confiabilidade do processo seletivo.

Outra estratégia para aumentar a confiabilidade do processo seletivo é a utilização de informações sobre a média de produção da família do indivíduo sob seleção.

A seleção pelo desempenho fenotípico individual é eficiente quando as características têm herdabilidade alta, situação em que o valor fenotípico constitui indicação segura do valor genético dos indivíduos. Ressalta-se, ainda, que independente do valor da herdabilidade, características limitadas pelo sexo (como produção de leite e produção de ovos) e características que não podem ser medidas diretamente no animal vivo (como qualidade de carcaça ou de carne, por exemplo), não podem ser selecionadas pelo desempenho fenotípico individual.

Para a maioria das características de interesse econômico, apenas parte do fenótipo é determinado pela ação gênica, sendo o restante decorrente de efeitos de fatores ambientais e de diferentes interações. Por isso,

deve-se controlar ao máximo as influências ambientais, avaliando-se o desempenho em ambiente uniforme, isto é, em condições em que os indivíduos tenham as mesmas oportunidades. Para isto, é necessário que os lotes de animais submetidos às mesmas condições de manejo e de alimentação sejam identificados para formação correta dos grupos de contemporâneos. Animais de um lote que permanece em determinado pasto do nascimento até a desmama podem estar submetidos a efeitos ambientais diferentes do que os animais de outro lote, mesmo num pasto contíguo ao primeiro. Em bovinos de corte, a diferença entre os lotes, no peso à desmama, pode, às vezes, passar de 20 kg. Estas diferenças não genéticas, quando não identificadas, levam à utilização incorreta do valor fenotípico para predição (estimação) do valor genético dos indivíduos.

## Seleção Fenotípica Individual Utilizando um Único Registro de Produção do Animal na Característica

### Diferencial de Seleção

No processo seletivo são identificados dois grupos de animais: o grupo selecionado, grupo dos animais que vão ser os pais da próxima geração e o grupo formado pela população base de onde os indivíduos foram selecionados. Surge assim, o conceito de diferencial de seleção (DS).

Por exemplo, em um rebanho de bovinos de corte, para a característica “peso aos 365 dias de idade” a média da população é igual a 200kg. Selecionou-se um grupo para reprodução, com média de 250 kg à mesma idade. Qual é o diferencial de seleção?

**Diferencial de Seleção (DS)** → é a diferença entre a média do grupo selecionado para reprodução e a média da população base. Ou seja:  $DS = \bar{X}_s - \bar{X}_p$ , sendo:

$\bar{X}_s$  = média do grupo selecionado e  $\bar{X}_p$  = média da população

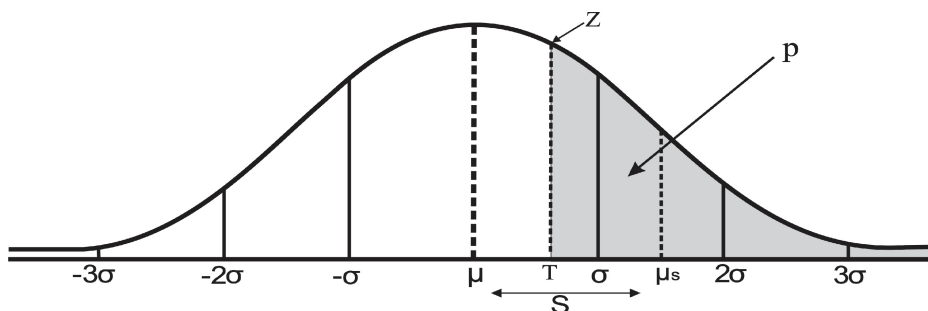
No exemplo:  $DS = \bar{X}_s - \bar{X}_p = 250 - 200 = 50\text{kg}$

### Diferencial de Seleção (S) e Proporção de Indivíduos Selecionados (p)

As decisões de seleção estão relacionadas com o número de indivíduos necessários para a reprodução e com a quantidade de animais disponíveis na população. A relação entre o número de indivíduos selecionados e a quantidade disponível para seleção é a proporção de indivíduos selecionados (p). Pode-se então calcular o diferencial de seleção com base na proporção selecionada e no desvio-padrão fenotípico da característica.

Admitindo-se que os fenótipos se distribuam de acordo com a curva normal padronizada, com média 0 ( $\mu = 0$ ) e variância 1 ( $\sigma^2 = 1$ ), tem-se:

#### Distribuição dos Valores Fenotípicos (Desempenhos)





Em que,

$p$  (área sombreada) = proporção de indivíduos selecionados

$\mu$  = média da população (= zero na distribuição normal padronizada)

$\mu_s$  = média dos indivíduos selecionados

$T$  = ponto de truncamento para seleção. Considerando-se, por exemplo, a seleção para peso, o valor de  $T$  corresponderia ao peso mínimo de um indivíduo selecionado.

$z$  = altura da ordenada da curva normal no ponto de truncamento

$S = \mu_s - \mu$  = diferencial de seleção

O ponto de truncamento é o ponto da distribuição normal onde está o menor valor fenotípico selecionado. No gráfico acima, o ponto de truncamento ( $T$ ) está situado entre 0 (zero) e 1 (um) desvio-padrão acima da média da população ( $\mu$ ). Se, por exemplo, a média da população for 180 kg e o desvio-padrão da característica nessa população for 25 kg, o ponto de truncamento ( $T$ ) estaria situado entre 180 (média) e 205 kg (média + 1 desvio padrão), indicando que o peso mínimo para os animais selecionados está situado entre 180 e 205 kg. Em geral, o processo seletivo não se baseia no ponto de truncamento ( $T$ ), mas sim na proporção de indivíduos selecionados ( $p$ ).  $T$  é, na verdade, dependente de  $p$ . Quanto menor for a proporção de indivíduos selecionados, maior será o valor de  $T$ .

### *Estabelecimento da Equação do Diferencial de Seleção*

#### **Média do Grupo Selecionado**

---

A média da fração  $p$  (grupo de indivíduos selecionados) é obtida integrando-se :

$$p = \int_T^{\infty} f(x) dx \quad \rightarrow \quad \mu'_s = \frac{1}{p} \int_T^{\infty} x f(x) dx$$

Sendo:

$$f(x) = \frac{1}{\sqrt{(2\pi)}\sigma} e^{-\frac{(x-\bar{X})^2}{2\sigma^2}}$$

#### **Diferencial de Seleção (S)**

$$S = \mu_s - \mu \quad \rightarrow \quad S = \frac{1}{p} \int X f(x) dx - \bar{X} = \frac{1}{p} [\int X f(x) dx - p\bar{X}] \quad \rightarrow$$

$$S = \frac{1}{p} [\int X f(x) dx - \bar{X} \int f(x) dx] = \frac{1}{p} [\int X f(x) dx - \int \bar{X} f(x) dx] \quad \rightarrow \quad S = \frac{1}{p} \int (X - \bar{X}) f(x) dx$$

Fazendo:

$$\frac{X - \bar{X}}{\sigma} = x \quad e \quad \frac{T - \bar{X}}{\sigma} = t, \text{ tem-se : } (X - \bar{X}) = \sigma x \quad \rightarrow \quad dx = \sigma dx$$

$$S = \frac{1}{p} \int_t^{\infty} \sigma x \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} e^{-\frac{(\sigma x)^2}{2\sigma^2}} \sigma dx \quad \rightarrow \quad S = \frac{1}{p} \int_t^{\infty} \sigma x \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{x^2}{2}} dx \quad \rightarrow$$

$$S = \frac{1}{p} \int_t^{\infty} \sigma \frac{1}{\sqrt{2\pi}} x e^{-\frac{x^2}{2}} dx \quad \rightarrow \quad S = \frac{\sigma}{p\sqrt{2\pi}} \int_t^{\infty} x e^{-\frac{x^2}{2}} dx$$

## Equação do Diferencial de Seleção

### *Diferencial de Seleção de X (dx)*

Fazendo-se:  $\frac{X^2}{2} = y$ , tem-se  $x = (2y)^{\frac{1}{2}} \rightarrow dx = \frac{1}{2}(2y)^{-\frac{1}{2}} 2 dy = (2y)^{-\frac{1}{2}} dy$

E, assim,

$$S = \frac{\sigma}{p\sqrt{2\pi}} \int (2y)^{\frac{1}{2}} e^{-y} (2y)^{-\frac{1}{2}} dy \rightarrow S = \frac{\sigma}{p\sqrt{2\pi}} \int e^{-y} dy$$

### *Limites de Integração*

$$y = \frac{x^2}{2}$$

$$x = t \rightarrow y = \frac{t^2}{2} \quad e \quad x = \infty \rightarrow y = \infty$$

$$S = \frac{\sigma}{p\sqrt{2\pi}} \int_{\infty}^{\infty} e^{-y} dy = \frac{\sigma}{p\sqrt{2\pi}} \int_{\infty}^{\infty} e^{-y} d(-y)$$

$$\int_{\infty}^{\infty} e^{-y} d(-y) = [e^{-y}]_{\infty}^{\infty} = e - e^{-\infty}$$

$$e^{-\infty} = \frac{1}{e^{\infty}} = 0 \rightarrow \int_{\infty}^{\infty} e^{-y} d(-y) = e^{-\frac{t^2}{2}} \rightarrow S = \frac{\sigma}{p} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{t^2}{2}}$$

Mas

$$\frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{t^2}{2}} = z \rightarrow S = \frac{\sigma}{p} z$$

Ou, apenas escrevendo de outra forma, o diferencial de seleção é dado por:

$$S = \frac{z}{p} \sigma$$

### *Intensidade de Seleção (i)*

É o mesmo que diferencial de seleção padronizado. Se a distribuição seguir a curva normal padronizada, ou seja, se a fração **p** é selecionada de uma distribuição normal com média 0 ( $\mu = 0$ ) e variância 1 ( $\sigma^2 = 1$ ), o diferencial de seleção pode ser expresso em termos de unidades de desvios-padrão da característica, ou seja, a média dos indivíduos selecionados corresponde a um determinado número de desvios-padrão acima da média da população base.

## Estabelecimento da Equação da Intensidade Seletiva (i)

### ***Intensidade de Seleção (i)***

*A intensidade de seleção é, portanto, o diferencial de seleção expresso em unidades de desvio-padrão.*

$$S = \frac{z}{p}\sigma = \frac{z}{p}\sigma \rightarrow$$

$$i = \frac{z}{p}$$

*O valor de (i) corresponde ao número de desvios-padrão em que a média do grupo selecionado excede a média da população base.*

## Cálculo da Intensidade Seletiva

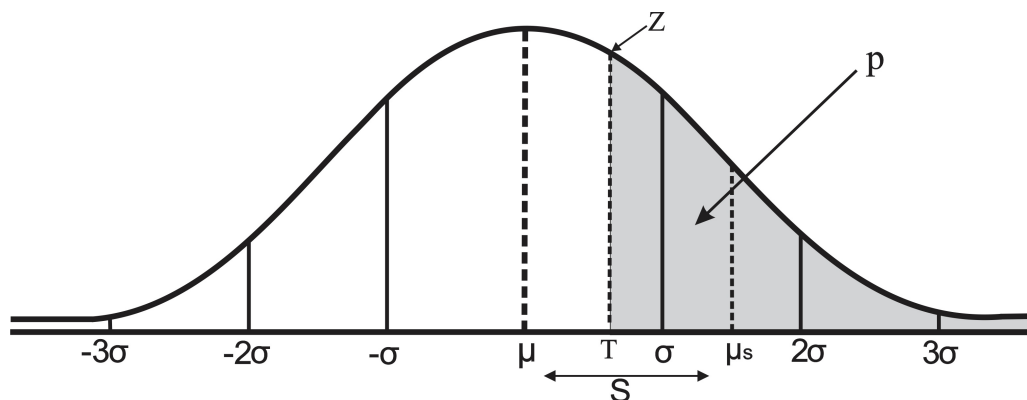
### *Uso de Tabelas Estatísticas*

Para o cálculo da intensidade de seleção usam-se dois tipos de tabela: tabela de áreas sob a curva normal e tabela de ordenadas da curva normal padronizada. Existem três tabelas de área sob a curva normal (páginas 166, 167 e 168). Todas fornecem o mesmo resultado.

Conhecendo-se a porcentagem de indivíduos selecionados (**p**), procura-se o valor de **T** correspondente, na tabela de áreas da distribuição normal padronizada (pgs 166, 167 ou 168).

Uma vez encontrado o valor de **T**, procura-se, na tabela de ordenadas da curva normal reduzida (página 169), o valor de **z** correspondente. Veja o gráfico a seguir.

### **Distribuição dos Valores Fenotípicos (Desempenho)**



## Intensidade Seletiva x Diferencial de seleção

Obtido o valor de  $z$  na tabela, a intensidade seletiva é dada, então, por:  $i = \frac{z}{p}$

Em que,

$i$  (também chamado de diferencial de seleção padronizado) corresponde ao número de desvios-padrão em que a média dos indivíduos selecionados (fração  $p$ ) excede a média da população disponível para seleção ( $\mu$ ).

Note-se que para voltar ao diferencial de seleção, em unidades da característica (kg, litros, %, etc), basta multiplicar o valor  $i$  pelo desvio-padrão da referida característica, ou seja,  $S = i\sigma_p$

São apresentados, a seguir, alguns valores de intensidade seletiva de acordo com as porcentagens de indivíduos selecionados.

### Intensidade Seletiva de Acordo Com a Porcentagem de Selecionados

Porcentagem de indivíduos selecionados (p)	Intensidade seletiva (i)
100,00	0,00
0,95	0,11
0,90	0,20
0,85	0,27
0,80	0,35
0,75	0,42
0,70	0,50
0,65	0,57
0,60	0,64
0,55	0,72
0,50	0,80
0,45	0,88
0,40	0,97
0,35	1,06
0,30	1,16
0,25	1,29
0,20	1,40
0,15	1,56
0,10	1,76
0,05	2,08
0,04	2,16
0,03	2,27
0,02	2,44
0,01	2,70
0,001	3,50

## Diferencial de Seleção - Alguns Exemplos

1. Em um rebanho de bovinos de corte, no qual a variância do peso à desmama é igual a  $625 \text{ kg}^2$ , selecionaram-se para a reprodução, 10% de machos e 40% de fêmeas. Calcular as intensidades seletivas e os diferenciais de seleção.

### Solução

$$i = \frac{z}{p} ; S = i\sigma_p ; \sigma_p = \sqrt{625\text{kg}^2} = 25\text{kg}$$

$$p_\sigma = 10\% = 0,10 \rightarrow T = 1,28 \text{ (Tabela 2 - página 167)} \rightarrow z = 0,1758$$

$$i_\sigma = \frac{z}{p_\sigma} = \frac{0,1758}{0,10} = 1,76$$

$$S_\sigma = i_\sigma \times \sigma_p = 1,76 \times 25\text{kg} = 44\text{kg}$$

---

$$p_\varphi = 40\% = 0,40 \rightarrow T = 0,25 \rightarrow z = 0,3867$$

$$i_\varphi = \frac{z}{p_\varphi} = \frac{0,3867}{0,40} = 0,97$$

$$S_\varphi = i_\varphi \times \sigma_p = 0,97 \times 25\text{kg} = 24\text{kg}$$

---

$$i = \frac{i_\sigma + i_\varphi}{2} = \frac{1,76 + 0,97}{2} = 1,36$$

$$S = i\sigma_p = 1,36 \times 25\text{kg} = 34\text{kg} = \frac{S_\sigma + S_\varphi}{2} = \frac{44 + 24}{2} = 34\text{kg}$$

2. Em um rebanho de bovinos de corte, no qual a variância do peso à desmama é igual a  $625 \text{ kg}^2$ , selecionaram-se para a reprodução, 10% dos machos e 70% das fêmeas. Calcular as intensidades seletivas e os diferenciais de seleção.

### Solução

#### Cálculo da Intensidade Seletiva nos Machos

---

$$i = \frac{z}{p} ; S = i\sigma_p ; \sigma_p = \sqrt{625\text{kg}^2} = 25\text{kg}$$

$$p_\sigma = 10\% = 0,10 \rightarrow T = 1,28 \rightarrow z = 0,1758$$

$$i_\sigma = \frac{z}{p_\sigma} = \frac{0,1758}{0,10} = 1,76 \rightarrow S_\sigma = i_\sigma \times \sigma_p = 1,76 \times 25\text{kg} = 44\text{kg}$$

**Cálculo da Intensidade Seletiva nas Fêmeas**

$$i = \frac{z}{p} ; S = i\sigma_p ; \sigma_p = \sqrt{625\text{kg}^2} = 25\text{kg}$$

$$p_{\varphi} = 70\% = 0,70 \quad (p > 50\%)$$

**Usando-se as Tabelas 1 (Página 166) e 4 (Página 169)**

Observar que o ponto de truncamento ( $T$ ) é negativo (é menor do que a média). Mas isto não importa, pois o valor da altura ( $z$ ) é o mesmo, tanto para  $T$  positivo quanto negativo. A distribuição é simétrica.

Procurar  $T$  para a área = 0,70, diretamente na Tabela 1. Com o valor de  $T$ , buscar  $z$  na Tabela 4.

**Usando-se as Tabelas 2 (Página 167) e 4 (Página 169)**

Procurar  $T$  correspondente a  $p' = (1 - p)$ . Com o valor de  $T$ , buscar  $z$  na Tabela 4.

A altura da ordenada ( $z$ ) no ponto  $T$  correspondente a  $p'$  é a mesma no ponto  $T$  correspondente a  $p$ .

$$\text{Calcular } i = \frac{z}{p}.$$

Notar, no entanto, que, no cálculo de  $i$ , usa-se o valor de  $p$  (a porcentagem original de selecionados) e não  $p'$ .

**Resolvendo**

$$p' = 1 - p = 1 - 0,70 = 0,30 \quad \rightarrow \quad p'_{\varphi} = 0,30 \quad \rightarrow \quad T = 0,52 \quad \rightarrow \quad z = 0,3485$$

$$i_{\varphi} = \frac{z}{p} = \frac{0,3485}{0,70} = 0,50 \quad \rightarrow \quad S_{\varphi} = i_{\varphi} \times \sigma_p = 0,50 \times 25\text{kg} = 12,5\text{kg}$$

$$i = \frac{i_{\sigma} + i_{\varphi}}{2} = \frac{1,76 + 0,50}{2} = 1,13$$

$$S = i\sigma_p = 1,13 \times 25\text{kg} = 28,2\text{kg} = \frac{S_{\sigma} + S_{\varphi}}{2} = \frac{44 + 12,5}{2} = 28,2\text{kg}$$

**Progresso Genético ou Resposta à Seleção**

Por definição, o progresso, ganho genético ou resposta à seleção ( $\Delta G$ ) é a diferença entre a média da geração  $F_1$  e a média da geração parental. Este progresso genético é, no entanto, a resposta à seleção calculada após o nascimento da progênie e a obtenção dos seus valores fenotípicos (medição, pesagem etc.). Ou seja, trata-se do progresso genético realizado ou observado.

**Ganho Genético Observado**

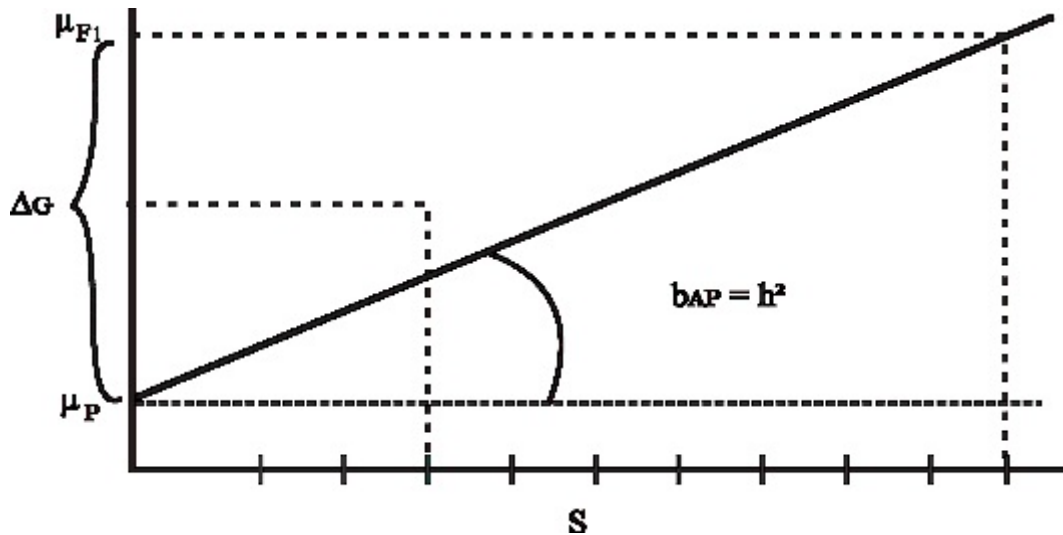
$$\Delta G = \mu_{F_1} - \mu_P \quad (\text{média da geração } F_1 \text{ menos a média da população parental})$$

Pode-se, no entanto, com base na intensidade seletiva, calcular o progresso genético esperado da seleção (gráfico abaixo), ou seja, o progresso genético calculado antes do nascimento da progênie dos animais selecionados,

Considere-se, então, o gráfico abaixo, em que  $S$  é o diferencial de seleção fenotípica,  $\mu_P$  é a média da população base e  $\mu_{F_1}$  é a média da progênie do grupo selecionado.

O ganho genético ( $\Delta G$ ) é dado por:

$$\Delta G = \mu_{F_1} - \mu_P$$



### Demonstração de que $b_{AP} = h^2$

$b_{AP}$  = coeficiente de regressão do valor genético aditivo no valor fenotípico

Sendo que,

$$b_{AP} = \frac{Cov(A, P)}{V_P}$$

$$P = A + D + I + E$$

$$\text{Fazendo } D + I + E = R \rightarrow P = A + R \rightarrow$$

$$Cov(A, P) = Cov[A, (A + R)] = Cov(A, A) + Cov(A, R)$$

$$Cov(A, A) = V_A$$

$$Cov(A, R) = 0 \quad (\text{Demonstrado no Livro I, página 147}) \rightarrow$$

$$Cov(A, P) = V_A \rightarrow$$

$$b_{AP} = \frac{V_A}{V_P} = h^2$$

## Equação da Resposta à Seleção

### **Progresso Genético Esperado – Seleção Fenotípica Individual**

Sabe-se, da teoria da regressão, que:

$$y = a + b_{yx}X$$

Substituindo-se os parâmetros da equação pelos parâmetros representados no gráfico da página anterior (y por  $\mu_{F_1}$  ; a por  $\mu_P$  ;  $b_{yx}$  por  $b_{AP}$  ; X por S), tem-se:

$$\mu_{F_1} = \mu_P + b_{AP}S \quad \rightarrow \quad \mu_{F_1} = \mu_P + h^2S \quad \rightarrow \quad \mu_{F_1} - \mu_P = h^2S$$

$$\text{Mas, } \mu_{F_1} - \mu_P = \Delta G \quad \rightarrow \quad \Delta G = h^2S$$

Considerando-se, então, a seleção fenotípica individual, sem incluir medidas repetidas, a equação do ganho genético esperado é dada por:  $\Delta G = h^2S$ . Como  $S = i\sigma_P$ , tem-se:

$$\Delta G = ih^2\sigma_P$$

Em que:

$\Delta G$  = ganho genético esperado

$i$  = intensidade seletiva aplicada à característica

$h^2$  = herdabilidade da característica

$\sigma_P$  = desvio-padrão fenotípico da característica

### **Diferencial de Seleção e Herdabilidade**

A expressão  $\Delta G = h^2S$  mostra que a herdabilidade da característica determina o quanto do diferencial de seleção será passado para a geração seguinte.

### **Ganho Genético Anual**

Se L é o intervalo de gerações, o ganho genético anual é dado por :

$$\Delta G \text{ Anual} = \frac{\Delta G}{L} \quad \rightarrow$$

$$\Delta G \text{ Anual} = \frac{ih^2\sigma_P}{L}$$



## Equação da Resposta à Seleção e o Método de Seleção

$$\Delta G = ih^2\sigma_p \quad (\text{Exclusivamente para seleção fenotípica individual sem medidas repetidas})$$

*Atenção!*

*Notar que a equação do ganho genético ( $\Delta G$ ) foi, aqui, estabelecida para a seleção com base no desempenho fenotípico do próprio animal avaliado, e para o animal com apenas uma observação (ou seja, sem medidas repetidas).*

*Se a seleção for baseada em outras fontes de informação, envolvendo medidas repetidas ou informações de parentes do indivíduo avaliado, a equação será diferente, de acordo com a herdabilidade da média dos desempenhos.*

*Nos próximos capítulos será desenvolvida uma equação geral para ser usada com qualquer fonte de informação.*

### Exemplo de Cálculo de Resposta à Seleção

1. Um plantel de suínos possui média de peso, aos cinco meses de idade, igual a 90 kg. Neste plantel foi selecionado um grupo de animais com média de 95 kg à mesma idade. Admitindo-se que a herdabilidade para essa característica seja igual a 0,45, pergunta-se:

- qual o progresso genético esperado em uma geração de seleção?
- qual a média da população descendente?

#### *Solução*

$$a. S = \mu_S - \mu_P = 95 - 90 = 5kg$$

$$\Delta G = h^2S = 0,45 \times 5kg = 2,25kg$$

$$b. \mu_G = \mu_P + \Delta G = 90 + 2,25 = 92,25kg$$

2. Em gado de corte, selecionaram-se pelo peso aos 18 meses, 5% de machos e 60% de fêmeas. Sendo a herdabilidade igual a 0,40 e o desvio-padrão do peso aos 18 meses igual a 50 kg, pergunta-se: qual o progresso genético esperado em uma geração de seleção? Sabendo-se que a média da população é de 300 kg, qual será essa média na geração seguinte?

## Solução do Exemplo 2

### **Solução**

$$p = 5\% \Rightarrow i = 2,08 \text{ para machos}$$

$$p = 60\% \Rightarrow i = 0,64 \text{ para fêmeas}$$

### **Ganho Genético**

$$i = \frac{i(\text{machos}) + i(\text{fêmeas})}{2} = \frac{2,08 + 0,64}{2} = 1,36$$

$$\Delta G = ih^2\sigma_p = 1,36 \times 0,40 \times 0,50 = 27,2\text{kg}$$

$$\mu_{\text{PROGÊNIE}} = \mu_{\text{POPULAÇÃO}} + \Delta G = 300 + 27,2 = 327,2\text{kg}$$

## Fatores Que Aumentam o Intervalo de Gerações

Alguns fatores tendem a aumentar o intervalo de gerações, entre eles a baixa fertilidade, o atraso na maturidade sexual, longo período de gestação ou a necessidade de muitos registros de produção para tornar o animal elegível à seleção e também a utilização do mesmo reprodutor por períodos longos. Se o intervalo de gerações aumenta, o progresso genético diminui.

Os métodos de seleção que aumentam a acurácia podem aumentar também o intervalo de gerações, como é o caso do teste de progênie. Assim, a intensidade seletiva precisa ser suficientemente grande para contrabalancear o aumento do intervalo de gerações.

Deve-se fazer um balanceamento entre intensidade de seleção e intervalo de gerações, de modo a otimizar o progresso genético. Os custos do ganho esperado devem também ser comparados com o retorno econômico desse ganho.

## Intervalo de Gerações para Algumas Espécies (Anos)

Espécie	machos	fêmeas
Bovinos	2,0	5,0
Cavalo	3,0	5,0
Ovinos	1,0	1,5
Caprinos	1,0	1,5
Suínos	1,0	1,0
Cães	2,0	3,0
Aves (galinha)	1,0	1,0

## Herdabilidade Realizada

### *Herdabilidade Observada no Programa de Seleção*

$$\Delta G_{\text{ESPERADO}} = h^2 S$$

Em que,

$$\Delta G_{\text{ESPERADO}} = \text{Ganho genético esperado}$$

$S$  = Diferencial de seleção

Mas,

$$\Delta G_{\text{(REALIZADO)}} = \bar{X}_{\text{PROGÊNIE}} - \bar{X}_{\text{POPULAÇÃO}} \mapsto \bar{X}_{\text{PROGÊNIE}} - \bar{X}_{\text{POPULAÇÃO}} = h_{\text{(REALIZADA)}}^2 \times S \mapsto$$

$$h_{\text{(REALIZADA)}}^2 = \frac{\bar{X}_{\text{PROGÊNIE}} - \bar{X}_{\text{POPULAÇÃO}}}{S}$$

Herdabilidade realizada é, assim, a herdabilidade constatada para a característica para aquela população naquele período de tempo.

## Predição do Mérito Genético

### *Equação de Regressão*

Como demonstrado pela teoria da regressão, a equação da reta (equação de Regressão) é dada por:

$$Y = a + bX$$

$Y$  = variável dependente ;  $a$  = intercepto = valor de  $Y$  para  $X = 0$

$X$  = variável independente

$\hat{Y}$  (Valor Predito de  $Y$ )

$$\hat{Y}_i = \mu_Y + b_{YX}(X_i - \mu_X)$$

$\hat{Y}_i$  = valor predito da variável  $Y$

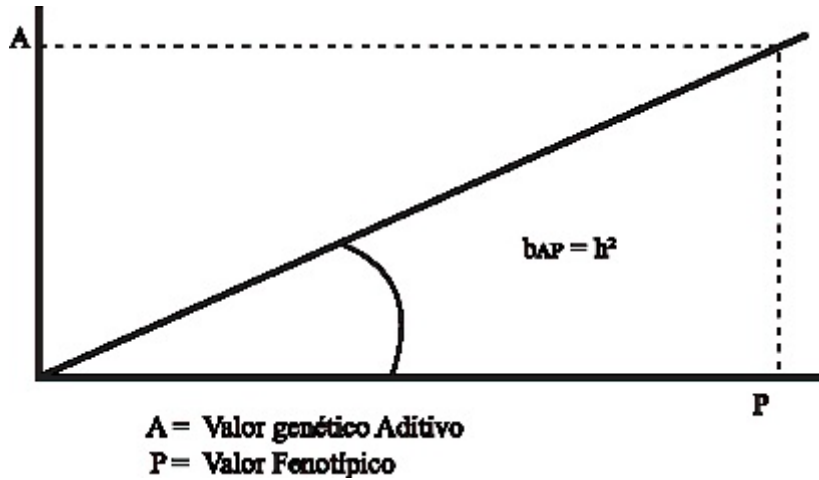
$\mu_Y$  = média de  $Y$

$b_{YX}$  = coeficiente de regressão de  $Y$  em função de  $X$

$X_i$  = variável independente

$\mu_X$  = média de  $X$

Considere a figura,



### *Equação de Predição do Valor Genético*

#### **Regressão**

*De acordo com a teoria da regressão,*

$$\hat{Y}_i = \mu_Y + b_{YX}(X_i - \mu_X)$$

*Na figura da página anterior,*

$$\hat{Y}_i = \hat{A}_i = \text{valor genético predito (estimado) do animal}$$

$$X_i = P_i = \text{desempenho fenotípico do animal}$$

*Assim,*

$$\hat{A}_i = \mu_A + b_{AP}(P_i - \mu_P) \quad \text{ou ainda,} \quad \hat{A}_i - \mu_A = b_{AP}(P_i - \mu_P)$$

$$\left[ \begin{array}{l} \hat{A}_i - \mu_A = VG = \text{Valor genético predito (dado como desvio da média de todos os valores} \\ \text{genéticos da população)} \\ b_{AP} = h^2 \\ P_i - \mu_P = \text{Desempenho fenotípico do animal, na característica = valor fenotípico dado} \\ \text{como desvio da média da população} \end{array} \right] \rightarrow$$

$$VG = h^2(P_i - \mu) \quad [\text{Equação de predição do valor genético c/ base no valor fenotípico individual}]$$

## Acurácia da Predição

$$VG = h^2(P_i - \mu) \text{ [Equação de predição]}$$

$VG$  = valor genético predito

$P_i - \mu$  = fonte de informação (Desempenho)

$h^2$  = coeficiente de herdabilidade

Pode-se reescrever a equação de predição acima como  $\hat{A} = bX_i$ , em que:

$\hat{A}$  = valor genético predito

$b$  = coeficiente de regressão

$X_i = P_i - \mu$  = desempenho fenotípico do animal

### Acurácia

A acurácia ( $r_{\hat{A}A}$ ) é definida como a correlação entre o valor genético predito ( $\hat{A}$ ) e o valor genético verdadeiro ( $A$ )

$$r_{\hat{A}A} = \frac{\sigma_{\hat{A}A}}{\sqrt{\sigma_{\hat{A}}^2 \cdot \sigma_A^2}}$$

$$\sigma_{\hat{A}}^2 = \sigma_{\hat{A}A}^2 \quad (\text{devido ao escalonamento do índice}) \quad \rightarrow \quad r_{\hat{A}A} = \frac{\sigma_{\hat{A}A}}{\sqrt{\sigma_{\hat{A}A}^2 \cdot \sigma_A^2}}$$

$$\sigma_{\hat{A}A} = \text{Cov}(bX_i, A) = b \text{cov}(X_i, A) \quad \rightarrow$$

$$\sigma_{\hat{A}A} = ba_{ia}\sigma_A^2$$

$a_{ia}$  = covariância genética (parentesco de wright) entre o animal fonte de informação ( $i$ ) e o animal que está sendo avaliado ( $\alpha$ )

Então,

$$r_{\hat{A}A} = \frac{ba_{ia}\sigma_A^2}{\sqrt{ba_{ia}\sigma_A^2 \cdot \sigma_A^2}} = \frac{ba_{ia}\sigma_A^2}{\sqrt{ba_{ia}\sigma_A^4}} = \frac{ba_{ia}}{\sqrt{ba_{ia}}} = \sqrt{ba_{ia}} \quad \text{Ou seja,}$$

$$\text{Acurácia} = r_{\hat{A}A} = \sqrt{b \cdot a_{ia}} \quad (\text{Equação geral - uma única fonte})$$

Sendo:

$b$  = coeficiente de regressão da equação de predição

$a_{ia}$  = covariância genética entre a fonte ( $i$ ) e o animal avaliado ( $\alpha$ )

## Acurácia Baseada no Desempenho Fenotípico Individual

### Acurácia

$$\text{Acurácia} = r_{\hat{A}A} = \sqrt{b \cdot a_{iu}} \quad (\text{Equação geral - uma única fonte})$$

A equação acima é geral. Pode ser usada para qualquer fonte de informação. Atentar, no entanto, para o fato de que o coeficiente de regressão  $b$  irá variar de acordo com cada fonte.

### Acurácia Baseada no Desempenho Fenotípico Individual - Sem Medidas Repetidas

Neste caso:  $b = h^2$  e  $a_{iu} = 1$  (o animal fonte de informação e o animal avaliado são os mesmos)

$$\text{Assim, Acurácia} = r_{\hat{A}A} = \sqrt{b \cdot a_{iu}} = \sqrt{h^2 \cdot 1} \rightarrow$$

$$\text{Acurácia} \equiv \sqrt{h^2} \quad [\text{Equação específica para valor fenotípico individual, sem medidas repetidas}].$$

A equação de predição, desenvolvida anteriormente, e a equação da acurácia, aqui desenvolvidas, só são válidas para predição com base no desempenho fenotípico individual. Para outras fontes de informação serão usadas as equações gerais [As equações gerais serão desenvolvidas mais a frente].

## Equação Geral da Resposta à Seleção

### Equação da Resposta à Seleção

A resposta à seleção desenvolvida anteriormente (página 13) é da por:  $\Delta G = ih^2\sigma_p$

Esta equação só é válida, no entanto, para a seleção fenotípica individual. Uma equação geral pode ser assim desenvolvida e utilizada para todas as fontes de informação

Considere, então, as equações da resposta à seleção e da acurácia desenvolvidas para a seleção fenotípica individual:

$$\Delta G = ih^2\sigma_p \quad \text{e} \quad \text{Acurácia} (r_{\hat{A}A}) = \sqrt{h^2}$$

$$\text{Cálculo de Acurácia} \times \sqrt{h^2} \text{ ou } r_{\hat{A}A} \times \sqrt{h^2}$$

$$\text{Acurácia} \times \sqrt{h^2} = r_{\hat{A}A} \times \sqrt{h^2} = \sqrt{h^2} \times \sqrt{h^2} = h^2 \rightarrow h^2 = r_{\hat{A}A} \times \sqrt{h^2}$$

Substituindo-se, na equação da resposta à seleção,  $h^2$  pelo seu valor ( $r_{\hat{A}A} \times \sqrt{h^2}$ ) tem-se:

$$\Delta G = ir_{\hat{A}A}\sqrt{h^2}\sigma_p \quad (\text{Equação Geral da Resposta à Seleção})$$

A equação geral é a equação válida para o cálculo da resposta à seleção utilizando qualquer fonte de informação, ou seja, deve ser utilizada em todas as situações, inclusive para a seleção que utiliza, como fonte de informação, o desempenho fenotípico do próprio indivíduo que está sendo avaliado (seleção fenotípica individual).

## Predição do Mérito Genético Utilizando um Único Registro de Produção de Cada Indivíduo

Proposta de Seleção: Escolher os Seis Melhores Machos em uma população de 36 Coelhos

Peso de 36 Coelhos na 10ª Semana de Vida

	A	B	C	D	E	F
1	1.950	2.050	2.100	1.800	1.550	1.380
2	1.900	<u>2.250</u>	<b>2.350</b>	<b>2.600</b>	1.750	950
3	2.000	2.100	1.980	2.200	1.650	1.400
4	1.750	1.800	2.000	1.950	1.550	<u>2.250</u>
5	1.900	2.200	1.950	<b>2.400</b>	1.350	<b>2.300</b>
6	1.600	1.800	<b>2.300</b>	<u>2.250</u>	1.100	<u>2.250</u>
Média	1907,2					

Coelhos Selecionados Pelo Valor Fenotípico

D2	2.600
D5	2.400
C2	2.350
C6	2.300
F5	2.300
Dúvida: Com 2.250 g	
B2	F4
D6	F6

Suponha-se, entretanto, que as colunas A, B, C, D, E e F, na tabela abaixo, indiquem os grupos contemporâneos nos quais os coelhos permaneceram até a 10ª semana de vida. Na predição genética e, conseqüentemente, na seleção, os valores fenotípicos devem ser tomados como desvio dos grupos contemporâneos, pois assim esses valores fenotípicos estarão ajustados para os efeitos de ambiente. Os desvios em relação aos grupos contemporâneos são chamados de desempenho.

Peso dos Coelhos na 10ª Semana

	Grupo Contemporâneo						
	A	B	C	D	E	F	
1	1.950	2.050	2.100	1.800	1.550	1.380	
2	1.900	2.250	2.350	2.600	1.750	950	
3	2.000	2.100	1.980	2.200	1.650	1.400	Média
4	1.750	1.800	2.000	1.950	1.550	2.250	Geral
5	1.900	2.200	1.950	2.400	1.350	2.300	
6	1600	1.800	2.300	2.250	1.100	2.250	
Média	1.850,0	2.033,3	2.113,3	2.200	1.491,7	1.755,0	1.907,2
Desv	- 57,2	126,1	206,1	292,8	- 415,5	- 152,2	

## Desempenho dos Coelhos

	<b>A</b>	<b>B</b>	<b>C</b>	<b>D</b>	<b>E</b>	<b>F</b>
1	100,0	16,7	- 13,3	- 400,0	58,3	- 375,0
2	50,0	216,7	<b>236,7</b>	<b>400,0</b>	<b>258,3</b>	- 805,0
3	150,0	66,7	- 133,3	0,0	158,3	- 375,0
4	- 100,0	- 233,3	-113,3	- 250,0	58,3	<b>495,0</b>
5	50,0	166,7	-163,3	200,0	- 141,7	<b>545,0</b>
6	- 250,0	- 233,3	186,7	50,0	- 391,7	<b>495</b>

### Animais Selecionados

Animal	Desempenho	Peso
F5	545,0	2.300
F4	495,0	2.250
F6	495,0	2.250
D2	400,0	2.600
E2	258,3	1.750
C2	236,7	2.350

### Cálculo da Intensidade Seletiva e do Mérito Genético

#### ***Intensidade Seletiva***

$$p = \frac{6}{36} = 0,1667 = 16,67\%$$

$$p = 16,67\% \rightarrow T = 0,965 \quad (\text{Obtido na Tabela de áreas da curva normal})$$

$$T = 0,965 \rightarrow z = 0,25 \quad (\text{Obtido na Tabela de ordenadas da curva normal})$$

$$i = \frac{z}{P} = \frac{0,35}{0,1667} = 1,5$$

#### ***Predição do Mérito Genético***

$$VG = h^2(P_i - \mu)$$

$$VG(A_1) = h^2 \times \text{Desempenho } (A_1) \quad VG(A_2) = h^2 \times \text{Desempenho } (A_2)$$

$$VG(A_3) = h^2 \times \text{Desempenho } (A_3) \quad VG(A_4) = h^2 \times \text{Desempenho } (A_4)$$

$$VG(A_5) = h^2 \times \text{Desempenho } (A_5) \quad VG(A_6) = h^2 \times \text{Desempenho } (A_6), \text{ etc para B, C, D e E}$$



Cálculo do Valor Genético dos Coelhoos

$$VG = h^2(P_i - \mu)$$

*Coelhos do Lote A*

$$VG(A_1) = 0,30 \times (100,0) = 30,0$$

$$VG(A_2) = 0,30 \times (50,0) = 15,0$$

$$VG(A_3) = 0,30 \times (150,0) = 45,0$$

$$VG(A_4) = 0,30 \times (-100,0) = -30,0$$

$$VG(A_5) = 0,30 \times (50,0) = 15,0$$

$$VG(A_6) = 0,30 \times (-250,0) = -75,0$$

*Coelhos do Lote B*

$$VG(B_1) = 0,30 \times (16,7) = 5,0$$

$$VG(B_2) = 0,30 \times (216,7) = 65,0$$

$$VG(B_3) = 0,30 \times (66,7) = 20,0$$

$$VG(B_4) = 0,30 \times (-233,3) = -70,0$$

$$VG(B_5) = 0,30 \times (166,7) = 50,0$$

$$VG(B_6) = 0,30 \times (-233,3) = -70,0$$

*Coelhos do Lote C*

$$VG(C_1) = 0,30 \times (-13,3) = -4,0$$

$$VG(C_2) = 0,30 \times (236,7) = 71,0$$

$$VG(C_3) = 0,30 \times (-133,3) = -40,0$$

$$VG(C_4) = 0,30 \times (-113,3) = -34,0$$

$$VG(C_5) = 0,30 \times (-163,3) = -49,0$$

$$VG(C_6) = 0,30 \times (186,7) = 56,0$$

*Coelhos do Lote D*

$$VG(D_1) = 0,30 \times (-400,0) = -120,0$$

$$VG(D_2) = 0,30 \times (400,0) = 120,0$$

$$VG(D_3) = 0,30 \times (0,0) = 0,0$$

$$VG(D_4) = 0,30 \times (-250,0) = -75,0$$

$$VG(D_5) = 0,30 \times (200,0) = 60,0$$

$$VG(D_6) = 0,30 \times (50,0) = 15,0$$

*Coelhos do Lote E*

$$VG(E_1) = 0,30 \times (58,3) = 17,5$$

$$VG(E_2) = 0,30 \times (258,3) = 77,5$$

$$VG(E_3) = 0,30 \times (158,3) = 47,5$$

$$VG(E_4) = 0,30 \times (58,3) = 17,5$$

$$VG(E_5) = 0,30 \times (-141,7) = -42,5$$

$$VG(E_6) = 0,30 \times (-391,7) = -117,5$$

*Coelhos do Lote F*

$$VG(F_1) = 0,30 \times (-375,0) = -112,5$$

$$VG(F_2) = 0,30 \times (-805,0) = -241,5$$

$$VG(F_3) = 0,30 \times (-355,0) = -106,5$$

$$VG(F_4) = 0,30 \times (495,0) = 148,5$$

$$VG(F_5) = 0,30 \times (545,0) = 163,5$$

$$VG(F_6) = 0,30 \times (495,0) = 148,5$$

Valor Genético dos Animais - Peso na 10ª Semana

	A	B	C	D	E	F
1	30,0	5,0	- 4,0	- 120,0	17,5	- 112,5
2	15,0	65,0	<b>71,0</b>	<b>120,0</b>	<b>77,5</b>	- 241,5
3	45,0	20,0	- 40,0	0,0	47,5	- 106,5
4	- 30,0	-70,0	-34,0	- 75,0	17,5	148,5
5	15,0	50,0	-49,0	60,0	- 42,5	163,5
6	- 75,0	-70,0	56,0	15,0	- 117,5	148,5

Animais Selecionados

Animal	Desempenho	VG
F5	545,0	163,5
F4	495,0	148,5
F6	495,0	148,5
D2	400,0	120,0
E2	258,3	77,5
C2	236,7	71,0

**Valor Genético Predito x Desempenho**

Observar que a classificação pelo valor genético predito é a mesma obtida para a classificação pelo desempenho. A única fonte de informação utilizada foi o desempenho do animal avaliado. Neste caso, o valor genético é proporcional ao desempenho e sua magnitude é dada pela herdabilidade, ou seja,  $VG = h^2(P_i - \mu)$

Cálculo da Acurácia

**Acurácia**

-----

$$Acurácia = r_{\hat{A}A} = \sqrt{b \cdot a_{ia}} \quad (\text{Equação geral})$$

Como a fonte de informação é o próprio indivíduo a ser avaliado:

$$b = h^2 \quad e \quad a_{ia} = 1 \quad \rightarrow \quad r_{\hat{A}A} = \sqrt{b \cdot a_{ia}} = \sqrt{h^2 \cdot 1} \quad \text{Logo,}$$

$$Acurácia = r_{\hat{A}A} = \sqrt{h^2} = \sqrt{0,30} = 0,55$$

**Resposta à Seleção**

$$\Delta G = i r_{\hat{A}A} \sqrt{h^2} \sigma_P$$

$$p = \frac{6}{36} = 0,167 \rightarrow i_{\sigma} = 1,5$$

Assumindo  $i_{\varphi} = 0$ , tem-se:

$$i = \frac{1,5 + 0}{2} = 0,75$$

$$h^2 = 0,30 \text{ e } \sigma_P = 384g$$

$$r_{\hat{A}A} = \sqrt{h^2} = \sqrt{0,30} = 0,5477$$

$$\Delta G = i r_{\hat{A}A} \sqrt{h^2} \sigma_P = 0,75 \times 0,5477 \times 0,5477 \times 384g = 86,4g$$

**Correção de Henderson**

Se a amostra é muito pequena (menos de 30 animais disponíveis para a seleção) há necessidade de aplicar um ajuste na intensidade seletiva obtida. O ajuste é dado, segundo Henderson, por:

$$i_c = i - \frac{0,25}{S}$$

Em que:

$i_c$  = intensidade seletiva corrigida

$i$  = intensidade seletiva original

$S$  = número de indivíduos selecionados

## Exercícios Propostos

1. Defina e comente:
  - a. Diferencial de seleção (S)
  - b. Intensidade seletiva (i)
  - c. Intervalo de gerações (L)
  - d. Seleção individual
2. Defina “resposta à seleção” ou ganho genético ( $\Delta G$ ) observado. Escreva uma equação que represente essa definição.
3. Defina ganho genético ( $\Delta G$ ) esperado. Escreva a equação utilizada para o seu cálculo? Defina todos os termos.
4. Defina ganho genético anual ( $\Delta G/\text{ANO}$ ). Qual é a equação utilizada para o seu cálculo? Defina todos os termos.
5. Considere-se um grande rebanho de bovinos de corte em que a média e a variância do peso à desmama são, respectivamente, 167 kg e 487 kg<sup>2</sup>. Neste rebanho, foram selecionados para a reprodução (seleção individual) 5% dos machos e 60% das fêmeas. Sabendo-se que o intervalo médio de gerações é de cinco anos, que a herdabilidade do peso à desmama é igual a 0,40 e que a repetibilidade desse peso como característica da vaca é igual a 0,50, pergunta-se:
  - a. Qual foi a intensidade seletiva aplicada? Qual é a unidade utilizada para expressar essa intensidade seletiva?
  - b. Qual foi o diferencial de seleção aplicado? Qual é a unidade utilizada para expressar essa intensidade seletiva?
  - c. Qual é o ganho genético esperado em uma geração de seleção?
  - d. Qual é o ganho médio anual esperado?
  - f. Qual é a média esperada para o rebanho após a primeira geração de seleção?
6. O que é “fonte de informação”?
7. Em relação às fontes de informação em que é baseada, como pode ser classificada a seleção?
8. Explique o que você entende por “seleção com base em uma única fonte de informação”. Dê um exemplo.
9. Explique o que você entende por “seleção com base em múltiplas fontes de informação”. Dê exemplos.
10. Calcule a acurácia da predição genética quando se utiliza apenas um registro de produção do próprio indivíduo e:
  - a.  $h^2 = 0,10$
  - b.  $h^2 = 0,50$
  - c.  $h^2 = 0,90$

## Seleção Fenotípica Utilizando Medidas Repetidas - Predição do Valor Genético

Como demonstrado no capítulo anterior (página 17), se a fonte de informação é o desempenho fenotípico do próprio indivíduo que está sendo avaliado, o valor genético predito é dado pela ponderação do desempenho pela herdabilidade, ou seja,  $VG = h^2(P_i - \mu)$

Se o processo seletivo utiliza medidas repetidas da característica (por exemplo, mais de uma lactação de uma vaca), a fonte de informação é a média de  $p$  medidas de desempenho do animal na característica. Assim,

### **Seleção Fenotípica Individual**

Com base em um único registro de produção do indivíduo avaliado  $VG = h^2 (P_i - \mu)$  (Equação 1)

$$\text{Em que } h^2 = b_{AP} = \frac{COV(A, P)}{V_P}$$

---

### **Medidas Repetidas**

Com base na média de  $p$  registros de produção do indivíduo avaliado  $VG = h^2_{(\bar{X})} (\bar{P}_i - \mu)$  (Equação 2)

$$\text{Em que } h^2_{(\bar{X})} = b_{AP(\bar{X})} = \frac{COV [A_\alpha, P(\bar{X})]}{V [P(\bar{X})]} \quad (\text{Equação 3})$$

$$\bar{X} = \frac{X_1 + X_2 + \dots + X_p}{p} = \text{média de } p \text{ registros de produção do animal}$$

### **Covariância**

$$COV [A_\alpha, P(\bar{X})] = COV [A_\alpha, \frac{X_1 + X_2 + \dots + X_p}{p}] = \frac{1}{p} \times p \times COV [A_\alpha, X_i] = COV [A_\alpha, X_i] \rightarrow$$

$$COV [A_\alpha, P(\bar{X})] = a_{i\alpha} \sigma_A^2 = a_{i\alpha} h^2 \sigma_P^2$$

$a_{i\alpha} = 1$  [animal avaliado ( $\alpha$ ) e animal fonte de informação ( $i$ ) são o mesmo]  $\rightarrow$

$$COV [A_\alpha, P(\bar{X})] = h^2 \sigma_P^2 \quad (\text{Equação 4})$$

### **Variância Fenotípica ( $V [P(\bar{X})]$ )**

$$\bar{X} = \frac{X_1 + X_2 + \dots + X_p}{p}$$

$$\sigma_{P(\bar{X})}^2 = V [P(\bar{X})] = Var(\bar{X}) = \frac{1}{p} Var(X_i) + \frac{p-1}{p} Cov(X_i, X_i) \quad (\text{Equação 5})$$

## Predição do Valor Genético Com Base em Medidas Repetidas

### Desenvolvimento de $Cov(X_i X_{i'})$

Do conceito de repetibilidade (Livro I, página 201), tem-se:  $r = \frac{\sigma_B^2}{\sigma_B^2 + \sigma_W^2} = \frac{\sigma_B^2}{\sigma_T^2}$

Em que,

$r$  = coeficiente de repetibilidade ;  $\sigma_B^2$  = variância entre animais

$\sigma_W^2$  = variância dentro de animal ;  $\sigma_T^2$  = variância total = variância fenotípica ( $\sigma_P^2$ )

$$\text{Então, } r = \frac{\sigma_B^2}{\sigma_T^2} = \frac{\sigma_B^2}{\sigma_P^2} \rightarrow \sigma_B^2 = r\sigma_P^2$$

Tem-se, todavia, que,

$\sigma_B^2$  = variância entre animais = covariância entre registros do mesmo animal

Ou seja,  $\sigma_B^2 = r\sigma_P^2 = Cov(X_i X_{i'}) \rightarrow Cov(X_i X_{i'}) = r\sigma_P^2$  (Equação 6)

---

### Variância Fenotípica ( $V [P(\bar{X})]$ )

$$V [P(\bar{X})] = \sigma_{P(\bar{X})}^2 = \frac{1}{p} Var(X_i) + \frac{p-1}{p} Cov(X_i X_{i'}) \text{ (Equação 5)}$$

Então, substituindo-se, na equação 5,  $Cov(X_i X_{i'})$  pela sua expressão (equação 6), tem-se:

$$Var(\bar{X}) = \sigma_{P(\bar{X})}^2 = \frac{1}{p}\sigma_P^2 + \frac{p-1}{p} r\sigma_P^2 = \frac{\sigma_P^2 + (p-1) r\sigma_P^2}{p} = \frac{1+(p-1) r}{p} \sigma_P^2 \text{ (Equação 7)}$$

### Covariância e Variância Fenotípica - Resumo

$$COV [A_u, P(\bar{X})] = h^2 \sigma_P^2 \text{ (Equação 4)}$$

$$V [P(\bar{X})] = \sigma_{P(\bar{X})}^2 = \frac{1+(p-1) r}{p} \sigma_P^2 \text{ (Equação 7)}$$

### Herdabilidade da Média (Com Medidas Repetidas)

$$h_{(\bar{X})}^2 = b_{AP(\bar{X})} = \frac{COV [A_u, P(\bar{X})]}{V [P(\bar{X})]} = \frac{h^2 \sigma_P^2}{\frac{1+(p-1) r}{p} \sigma_P^2} = \frac{ph^2}{1+(p-1) r} \text{ (Equação 8)}$$

## Equação de Predição do Valor Genético e Equação da Acurácia

### *Valor Genético Predito*

Em termos gerais, o valor genético (VG) é dado por:

$$VG = h^2_{(\bar{x})} (\bar{P}_i - \mu) \quad (\text{Equação 2})$$

Mas,

$$h^2_{(\bar{x})} = \frac{ph^2}{1+(p-1)r} \quad (\text{Equação 8})$$

E, assim, substituindo-se, na equação 2,  $h^2_{(\bar{x})}$  pela sua expressão (equação 8), tem-se:

$$VG = \frac{ph^2}{1+(p-1)r} (\bar{P}_i - \mu) \quad [\text{Equação de predição - Com medidas repetidas}]$$

A equação de predição do valor genético é uma equação de regressão. Então, pode-se reescrevê-la como  $VG = bX_i$

Em que:

$$b = \frac{ph^2}{1+(p-1)r} = \text{coeficiente de regressão}$$

$$X_i = (\bar{P}_i - \mu) = \text{média de desempenho do animal}$$

Notar que, agora,  $b \neq \sqrt{h^2}$  (era  $\sqrt{h^2}$  na predição sem medidas repetidas).

### Acurácia

Como demonstrado anteriormente,  $\text{Acurácia} = r_{\hat{A}A} = \sqrt{b \cdot a_{ia}}$

Neste caso, a fonte de informação continua sendo o próprio animal avaliado e, assim,  $a_{ia} = 1 \rightarrow$

$$\text{Acurácia} = r_{\hat{A}A} = \sqrt{b \cdot 1} = \sqrt{b} = \sqrt{\frac{ph^2}{1+(p-1)r}}$$

No cálculo da acurácia, foram considerados, então:

1. número de medidas tomadas no animal ( $p$ )
2. herdabilidade da característica ( $h^2$ )
3. repetibilidade da característica ( $r$ )

## Resposta à Seleção

### *Equação de Predição Genética e Equação da Acurácia Com Medidas Repetidas - Resumo*

$$VG = \frac{ph^2}{1+(p-1)r} (\bar{P}_i - u)$$

$$\text{Acurácia} = r_{\hat{A}A} = \sqrt{\frac{ph^2}{1+(p-1)r}}$$

### *Ganho Genético (Com Base no Desempenho Fenotípico Individual)*

$$\Delta G = ih^2\sigma_P$$

### *Ganho Genético (Com Base em Medidas Repetidas)*

$$\Delta G = i h_{(\bar{x})}^2 \sigma_{P(\bar{x})}$$

$$h_{(\bar{x})}^2 = \frac{ph^2}{1+(p-1)r} \quad (\text{Equação 8 - páginas 27 e 28})$$

$$\sigma_{P(\bar{x})}^2 = \frac{1+(p-1)r}{p} \sigma_P^2 \quad (\text{Equação 7 - página 27}) \rightarrow \sigma_{P(\bar{x})} = \sqrt{\frac{1+(p-1)r}{p}} \sigma_P$$

### *Herdabilidade da Média x Desvio-Padrão Fenotípico ( $h_{(\bar{x})}^2 \cdot \sigma_{P(\bar{x})}$ )*

$$h_{(\bar{x})}^2 \cdot \sigma_{P(\bar{x})} = \frac{ph^2}{1+(p-1)r} \cdot \sqrt{\frac{1+(p-1)r}{p}} \sigma_P = \frac{\sqrt{p} h^2}{\sqrt{1+(p-1)r}} \sigma_P \rightarrow$$

$$\Delta G = i \frac{\sqrt{p} h^2}{\sqrt{1+(p-1)r}} \sigma_P \quad (\text{Equação 9})$$

### *Acurácia x $\sqrt{h^2}$*

$$r_{\hat{A}A} \cdot \sqrt{h^2} = \sqrt{\frac{ph^2}{1+(p-1)r}} \cdot \sqrt{h^2} = \frac{\sqrt{p} h^2}{\sqrt{1+(p-1)r}}$$

*E assim, substituindo na equação de  $\Delta G$  (Equação 9) tem-se:*

$$\Delta G = i r_{\hat{A}A} \sqrt{h^2} \sigma_P \quad [\text{Equação para o cálculo da resposta à seleção}]$$

*Esta equação geral já havia sido demonstrada anteriormente (página 19). Ela deve ser utilizada sempre.*



### Estimação do Mérito Genético de uma Vaca Leiteira

Considerar

1. Quatro situações com desempenho acima da média  $\bar{P}_i - \mu = + 1.220 \text{ kg}$
2. Quatro situações com desempenho abaixo da média  $\bar{P}_i - \mu = - 1.220 \text{ kg}$
3. Parâmetros genéticos:  $h^2 = 0,40$  e  $r = 0,50$

#### Predição Com Base em Um (1) ou Três (3) Desempenhos

Produção de Leite da Vaca

Situação	Lactação	$X_i$	$\mu/GC$	$X_i - \mu$
1a	1ª	6.260	5.040	<b>1.220</b>
	1ª	6.000	4.500	1.500
2a	2ª	6.200	5.200	1.000
	3ª	6.580	5.420	1.160
	Média	6.260	5.040	<b>1.220</b>

#### Equações de Predição e Cálculo da Acurácia

$$VG = \frac{ph^2}{1 + (p-1)r} (\bar{P}_i - u_p) ; b = \frac{ph^2}{1 + (p-1)r} \quad e \quad ACC = \sqrt{b}$$

#### Situação 1a - Predição Genética com Base em Um Único Desempenho

$$VG = \frac{1 \times 0,40}{1 + 0 \times 0,50} (1.220 \text{ kg}) = 488,0 \text{ kg}$$

$$b = \frac{1 \times 0,40}{1 + 0 \times 0,50} = 0,40 ; ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,40} = 0,63$$

#### Situação 2a - Predição Genética com Base em Três Desempenhos

$$VG = \frac{3 \times 0,40}{1 + 2 \times 0,50} (1.220 \text{ kg}) = 732,0 \text{ kg}$$

$$b = \frac{3 \times 0,40}{1 + 2 \times 0,50} = 0,60 ; ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,60} = 0,78$$

### Predição Com Base em Cinco (5) Desempenhos

Produção de Leite da Vaca

Situação	Lactação	X <sub>i</sub>	μ/GC	X <sub>i</sub> - μ
3a	1 <sup>a</sup>	5.000	4.500	1.000
	2 <sup>a</sup>	6.000	5.500	500
	3 <sup>a</sup>	6.500	5.200	1.300
	4 <sup>a</sup>	6.800	5.000	1.800
	5 <sup>a</sup>	7.000	5500	1.500
	Média	6.260	5.040	<b>1.220</b>

#### *Equações de Predição e Cálculo da Acurácia*

$$VG = \frac{ph^2}{1 + (p-1)r} (\bar{P}_i - u_p) ; b = \frac{ph^2}{1 + (p-1)r} \quad e \quad ACC = \sqrt{b}$$

#### *Situação 3a Predição Genética com Base em Cinco Desempenhos*

$$VG = \frac{5 \times 0,40}{1 + 4 \times 0,50} (1.220 \text{ kg}) = 817,4 \text{ kg}$$

$$b = \frac{5 \times 0,40}{1 + 4 \times 0,50} = 0,67 ; ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,67} = 0,82$$

### Predição Com Base em 1.000 Desempenhos

Produção de Leite da Vaca

Situação	Lactação	X <sub>i</sub>	μ/GC	X <sub>i</sub> - μ
4a	1 <sup>a</sup>	5.000	4.500	1.000
	2 <sup>a</sup>	6.000	5.500	500
	3 <sup>a</sup>	6.500	5.200	1.300
	-	-	-	-
	1000 <sup>a</sup>	7.000	5500	1.500
	Média	6.260	5.040	<b>1.220</b>

**Predição Com Base em 1.000 Desempenhos - Desempenho Positivo (Acima da Média)**

*Equações de Predição e Cálculo da Acurácia*

$$VG = \frac{ph^2}{1 + (p-1)r} (\bar{P}_i - u_p) ; b = \frac{ph^2}{1 + (p-1)r} \quad e \quad ACC = \sqrt{b}$$

*Situação 4a - Predição Baseada em 1.000 Desempenhos*

$$VG = \frac{1.000 \times 0,40}{1 + 999 \times 0,50} (1.220 \text{ kg}) = 966,3 \text{ kg}$$

$$b = \frac{1.000 \times 0,40}{1 + 999 \times 0,50} = 0,79 ; ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,67} = 0,89$$

**Predição Com Base em 1.000 Desempenhos - Desempenho Negativo (Abaixo da Média)**

Produção de Leite da Vaca

Situação	Lactação	X <sub>i</sub>	μ/GC	X <sub>i</sub> - μ
<b>4b</b>	1 <sup>a</sup>	4.000	5.000	- 1.000
	2 <sup>a</sup>	5.500	6.000	- 500
	3 <sup>a</sup>	5.200	6.500	- 1.300
	-	-	-	-
	1000 <sup>a</sup>	5.500	7.000	- 1.500
	Média	5.040	6.260	- 1.220

*Equações de Predição e Cálculo da Acurácia*

$$VG = \frac{ph^2}{1 + (p-1)r} (\bar{P}_i - u_p) ; b = \frac{ph^2}{1 + (p-1)r} \quad e \quad ACC = \sqrt{b}$$

*Situação 4b - Predição Genética Baseada em 1.000 Desempenhos*

$$VG = \frac{1.000 \times 0,40}{1 + 999 \times 0,50} (- 1.220 \text{ kg}) = - 966,3 \text{ kg}$$

$$b = \frac{1.000 \times 0,40}{1 + 999 \times 0,50} = 0,79 ; ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,67} = 0,89$$

### Predição Baseada em Cinco (5) Desempenhos - Desempenho Negativo (Abaixo da Média)

Produção de Leite da Vaca

Situação	Lactação	X <sub>i</sub>	μ/GC	X <sub>i</sub> - μ
3b	1 <sup>a</sup>	4.000	5.000	- 1.000
	2 <sup>a</sup>	5.500	6.000	- 500
	3 <sup>a</sup>	5.200	6.500	- 1.300
	4 <sup>a</sup>	5.000	6.800	- 1.800
	5 <sup>a</sup>	5.500	7.000	- 1.500
	Média	5.040	6.260	- 1.220

#### Equações de Predição e Cálculo da Acurácia

$$VG = \frac{ph^2}{1 + (p-1)r} (\bar{P}_i - u_p) ; b = \frac{ph^2}{1 + (p-1)r} \quad e \quad ACC = \sqrt{b}$$

#### Situação 3b - Predição Genética Baseada em Cinco Desempenhos

$$VG = \frac{5 \times 0,40}{1 + 4 \times 0,50} (- 1.220 \text{ kg}) = - 814,4 \text{ kg}$$

$$b = \frac{5 \times 0,40}{1 + 4 \times 0,50} = 0,67 ; ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,67} = 0,82$$

### Predição Baseada em Três (3) ou em Apenas Um (1) Desempenho

Produção de Leite da Vaca

Situação	Lactação	X <sub>i</sub>	μ/GC	X <sub>i</sub> - μ
2b	1 <sup>a</sup>	4.500	6.000	- 1.500
	2 <sup>a</sup>	5.200	6.200	- 1.000
	3 <sup>a</sup>	5.420	6.580	- 1.160
	Média	5.040	6.260	- 1.220
1b	1 <sup>a</sup>	5.040	6.260	-1.220

## Predição Baseada em Três (3) ou em Apenas Um (1) Desempenho

### *Equações de Predição e Cálculo da Acurácia*

$$VG = \frac{ph^2}{1 + (p-1)r} (\bar{P}_i - u_p) ; b = \frac{ph^2}{1 + (p-1)r} \quad e \quad ACC = \sqrt{b}$$

### *Situação 2b - Predição Genética Baseada em Três Desempenhos*

$$VG = \frac{3 \times 0,40}{1 + 2 \times 0,50} (- 1.220 \text{ kg}) = - 732,0 \text{ kg}$$

$$b = \frac{3 \times 0,40}{1 + 2 \times 0,50} = 0,60 ; ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,60} = 0,78$$

### *Situação 1b - Predição Baseada em Apenas Um Desempenho*

$$VG = \frac{1 \times 0,40}{1 + 0 \times 0,50} (- 1.220 \text{ kg}) = - 488,0 \text{ kg}$$

$$b = \frac{1 \times 0,40}{1 + 0 \times 0,50} = 0,40 ; ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,40} = 0,63$$

### Valor Genético Esperado - Sumário

Situação	Nº Lactações	VGE	Acurácia
1a	1	488,0	0,63
1b	1	-488,0	0,63
2a	3	732,0	0,78
2b	3	-732,0	0,78
3a	5	814,4	0,82
3b	5	-814,4	0,82
4a	1.000	975,0	0,89
4b	1.000	-975,0	0,89

Situação a: Desempenho positivo = 1220 kg acima da média

Situação b: Desempenho negativo = 1220 kg abaixo da média

Situação 1: Acurácia baixa, VGE distante do desempenho

Situação 4: Acurácia alta, VGE próximo do desempenho

## Capacidade Mais Provável de Produção (CMPP)

Em determinadas situações, o sistema de produção não está focado na seleção, mas sim na produção do animal ao longo de sua vida. Dessa forma, os animais podem ser comparados com base na sua futura produção. A capacidade mais provável de produção (CMPP) é o que se espera para o próximo registro de produção do animal em função do que ele já produziu até o momento da avaliação.

Pode-se também definir a CMPP como a regressão da produção futura de um animal em suas produções anteriores.

### Estabelecimento da Equação da CMPP

#### ***Coefficiente de Repetibilidade***

*De forma análoga ao que foi demonstrado para o valor genético predito, o coeficiente de repetibilidade ( $r$ ) é o fator de ponderação do desempenho atual na predição da produção futura. Ou seja,*

$$CMPP = r(P_i - \mu_p)$$

$$\text{Mas, } r = \frac{V_G + V_{EP}}{V_P} \rightarrow V_G + V_{EP} = rV_P$$

$$V_P = \text{Var}(X_i) = \text{Variância das produções individuais} = \sigma_p^2 \rightarrow V_G + V_{EP} = r\sigma_p^2$$

#### ***Medidas Repetidas - Repetibilidade da Média***

$$CMPP = r_{(\bar{x})}(\bar{P}_i - \mu_p)$$

$$r_{(\bar{x})} = \frac{V_G + V_{EP}}{V_{P(\bar{x})}} = \frac{r\sigma_p^2}{V_{P(\bar{x})}}$$

#### ***Covariância entre Registros de Produção do Mesmo Animal***

*Do conceito de repetibilidade (Livro I, páginas 199/201) tem-se, também, que:*

$$r = \frac{\sigma_B^2}{\sigma_p^2} \rightarrow \sigma_B^2 = r\sigma_p^2$$

*$r$  = Coeficiente de repetibilidade e  $\sigma_p^2$  = Variância fenotípica*

*$\sigma_B^2$  = Variância entre animais = Covariância entre registros do mesmo animal, ou seja,*

$$\sigma_B^2 = r\sigma_p^2 = \text{Cov}(X_i, X_{i'}) \rightarrow \text{Cov}(X_i, X_{i'}) = r\sigma_p^2$$

## Estabelecimento das Equações de Predição e Acurácia

### *Variância da Média de p Registros de produção do Mesmo Animal*

$$\bar{X} = \frac{X_1 + X_2 + \dots + X_p}{p} \rightarrow V_{P(\bar{X})} = \sigma_{P(\bar{X})}^2 = \text{Var}(\bar{X}) = \text{Var}\left[\frac{X_1 + X_2 + \dots + X_p}{p}\right]$$

$$\sigma_{P(\bar{X})}^2 = \text{Var}(\bar{X}) = \frac{1}{p} \text{Var}(X_i) + \frac{p-1}{p} \text{Cov}(X_i, X_i) = \sigma_{P(\bar{X})}^2 = \frac{1}{p} \sigma_P^2 + \frac{(p-1)}{p} r \sigma_P^2 = \frac{\sigma_P^2 + (p-1) r \sigma_P^2}{p} \rightarrow$$

$$\sigma_{P(\bar{X})}^2 = \frac{1 + (p-1) r}{p} \sigma_P^2$$

### *Repetibilidade da Média de p Registros do Mesmo Animal*

$$r_{(\bar{X})} = \frac{\sigma_B^2}{V_{P(\bar{X})}} = \frac{r \sigma_P^2}{\frac{1 + (p-1) r}{p} \sigma_P^2} = \frac{pr \sigma_P^2}{1 + (p-1) r \sigma_P^2} \rightarrow$$

$$r_{(\bar{X})} = \frac{pr}{1 + (p-1)r}$$

### *Capacidade Mais Provável de Produção*

[Equação de predição da CMPP]

$$CMPP = r_{(\bar{X})} (\bar{P}_i - u_p) \rightarrow$$

$$CMPP = \frac{pr}{1 + (p-1)r} (\bar{P}_i - u_p)$$

### *Acurácia*

$$\text{Acurácia} = r_{\hat{A}} = \sqrt{b \cdot a_{ia}}$$

$$b = \frac{pr}{1 + (p-1)r} \quad [\text{coeficiente de regressão}]$$

Neste caso, a fonte de informação continua sendo o próprio animal avaliado e, assim,  $a_{ia} = 1 \rightarrow$

$$\text{Acurácia} = r_{\hat{A}} = \sqrt{b \cdot 1} = \sqrt{b} \quad \text{Ou seja,}$$

$$\text{Acurácia} = r_{\hat{A}} = \sqrt{\frac{pr}{1 + (p-1)r}}$$

No cálculo da acurácia da predição da CMPP, foram considerados, então:

1. número de medidas tomadas em cada animal (p)
2. repetibilidade da característica (r)

### Estimação da Capacidade Mais Provável de Produção

Considerar

1. Quatro situações com desempenho acima da média  $\bar{P}_i - \mu = + 1.220 \text{ kg}$
2. Quatro situações com desempenho abaixo da média  $\bar{P}_i - \mu = - 1.220 \text{ kg}$
3. Parâmetros genéticos:  $h^2 = 0,40$  e  $r = 0,50$

### Estimação da CMPP com Um ou Três Registros de Produção da Vaca

Produção da Vaca				
Situação	Lactação	$X_i$	$\mu/GC$	$X_i - \mu$
1a	1ª	6.260	5.040	1.220
	1ª	6.000	4.500	1.500
2a	2ª	6.200	5.200	1.000
	3ª	6.580	5.420	1.160
	Média	6.260	5.040	1.220

#### Equações de Predição e Cálculo da Acurácia

$$CMPP = \frac{pr}{1 + (p-1)r} (\bar{P}_i - u_p) ; b = \frac{pr}{1 + (p-1)r} \text{ e } ACC = \sqrt{b}$$

#### Situação 1a - Predição da CMPP Baseada em Apenas um (1) Desempenho

$$CMPP = \frac{1 \times 0,50}{1 + 0 \times 0,50} (1.220 \text{ kg}) = 610,0 \text{ kg}$$

$$b = \frac{1 \times 0,50}{1 + 0 \times 0,50} = 0,50 \text{ e } ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,50} = 0,71$$

#### Situação 2a - Predição da CMPP Baseada em Três (3) Desempenhos

$$CMPP = \frac{3 \times 0,50}{1 + 2 \times 0,50} (1.220 \text{ kg}) = 915,0 \text{ kg}$$

$$b = \frac{3 \times 0,50}{1 + 2 \times 0,50} = 0,75 \text{ e } ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,60} = 0,87$$



### Estimação da CMPP com Cinco Registros de Produção

#### Produção da Vaca

Situação	Lactação	$X_i$	$\mu/GC$	$X_i - \mu$
3a	1ª	5.000	4.500	1.000
	2ª	6.000	5.500	<b>500</b>
	3ª	6.500	5.200	1.300
	4ª	6.800	5.000	1.800
	5ª	7.000	5500	1.500
	Média	6.260	5.040	1.220

#### *Situação 3a - Predição Baseada em Cinco (5) Desempenhos*

$$CMPP = \frac{5 \times 0,50}{1 + 4 \times 0,50} (1.220 \text{ kg}) = 1.016,7 \text{ kg}$$

$$b = \frac{5 \times 0,50}{1 + 4 \times 0,50} = 0,83 \quad e \quad CC = \sqrt{b} = \sqrt{0,83} = 0,91$$

### Estimação da CMPP com 1.000 Registros de Produção

#### Apenas Suposição

#### Vaca com Desempenho Acima da Média

Situação	Lactação	$X_i$	$\mu/GC$	$X_i - \mu$
4a	1ª	5.000	4.500	1.000
	2ª	6.000	5.500	500
	3ª	6.500	5.200	1.300
	-	-	-	-
	1000ª	7.000	5500	1.500
	Média	6.260	5.040	<b>1.220</b>

#### *Situação 4a - Predição Baseada em Mil (1.000) Desempenhos*

$$CMPP = \frac{1.000 \times 0,50}{1 + 999 \times 0,50} (1.220 \text{ kg}) = 1.218,8 \text{ kg}$$

$$b = \frac{1.000 \times 0,50}{1 + 999 \times 0,50} = 0,999 \quad e \quad ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,999} = 0,999$$

### Estimação da CMPP com 1.000 Registros de Produção

Vaca com Desempenho Abaixo da Média

Situação	Lactação	$X_i$	$\mu/GC$	$X_i - \mu$
4b	1 <sup>a</sup>	4.000	5.000	- 1.000
	2 <sup>a</sup>	5.500	6.000	- 500
	3 <sup>a</sup>	5.200	6.500	- 1.300
	-	-	-	-
	1000 <sup>a</sup>	5.500	7.000	- 1.500
	Média	5.040	6.260	- 1.220

#### Situação 4b - Predição Baseada em Mil (1.000) Desempenhos

$$CMPP = \frac{1.000 \times 0,50}{1 + 999 \times 0,50} (-1.220 \text{ kg}) = -1.218,8 \text{ kg}$$

$$b = \frac{1.000 \times 0,50}{1 + 999 \times 0,50} = 0,999 \text{ e } ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,999} = 0,999$$

### Estimação da CMPP com Cinco Registros de Produção

Vaca com Desempenho Abaixo da Média

Situação	Lactação	$X_i$	$\mu/GC$	$X_i - \mu$
3b	1 <sup>a</sup>	4.000	5.000	- 1.000
	2 <sup>a</sup>	5.500	6.000	- 500
	3 <sup>a</sup>	5.200	6.500	- 1.300
	4 <sup>a</sup>	5.000	6.800	- 1.800
	5 <sup>a</sup>	5.500	7.000	- 1.500
	Média	5.040	6.260	- 1.220

#### Situação 3b - Predição Baseada em Cinco (5) Desempenhos

$$CMPP = \frac{5 \times 0,50}{1 + 4 \times 0,50} (-1.220 \text{ kg}) = -1.016,7 \text{ kg}$$

$$b = \frac{5 \times 0,50}{1 + 4 \times 0,50} = 0,83 \text{ e } ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,83} = 0,91$$

## Estimação da CMPP com Três e Um Registros de Produção

Vaca com Desempenho Abaixo da Média

Situação	Lactação	$X_i$	$\mu/GC$	$X_i - \mu$
2b	1 <sup>a</sup>	4.500	6.000	- 1.500
	2 <sup>a</sup>	5.200	6.200	- 1.000
	3 <sup>a</sup>	5.420	6.580	- 1.160
	Média	5.040	6.260	- 1.220
1b	1 <sup>a</sup>	5.040	6.260	-1.220

### *Situação 2b - Predição Baseada em Três (3) Desempenhos*

$$CMPP = \frac{3 \times 0,50}{1 + 2 \times 0,50} (-1.220 \text{ kg}) = -915,0 \text{ kg}$$

$$b = \frac{3 \times 0,50}{1 + 2 \times 0,50} = 0,75 \quad e \quad ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,60} = 0,87$$

### *Situação 1b - Predição Baseada em Um (1) Desempenho*

$$CMPP = \frac{1 \times 0,50}{1 + 0 \times 0,50} (-1.220 \text{ kg}) = -610,0 \text{ kg}$$

$$b = \frac{1 \times 0,50}{1 + 0 \times 0,50} = 0,50 \quad e \quad ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,50} = 0,71$$

### SUMÁRIO

Situação	Num. Lactações	CMPP	Acurácia
1a	1	610,0	0,71
1b	1	-610,0	0,71
2a	3	915,0	0,87
2b	3	-915,0	0,87
3a	5	1.016,7	0,91
3b	5	-1.016,7	0,91
4a	1.000	1.218,8	0,9999
4b	1.000	-1.218,8	0,9999

### ***Regressão na Quantidade de Informações***

É o ajuste da predição em função do número de medidas de desempenho utilizadas. A predição será tanto mais próxima do desempenho observado quanto maior for o número de medidas tomadas no animal. Na verdade, a predição é ajustada para a acurácia. Assim, dois animais com o mesmo valor genético podem ser considerados geneticamente similares, mesmo que em uma predição a acurácia seja alta e na outra seja baixa.

O mesmo raciocínio é válido, em termos de similaridade, para a capacidade mais provável de produção.

### ***Benefício da Dúvida***

A regressão deu à vaca com apenas um registro de desempenho (baixa acurácia) o direito à dúvida. Por isso, em relação ao desempenho observado, a predição não foi nem tão alta para a situação 1a (1.220 kg) e nem tão baixa na situação 1b (-1.220 kg).

Com alta acurácia, não há dúvida e a predição é próxima do desempenho observado. A vaca da situação 4a é boa e ponto final. A predição da CMPP, por exemplo, foi 1.218,8 kg para um desempenho observado igual a 1.220 kg. Por outro lado, a vaca da situação 4b é ruim e ponto final. A predição da CMPP foi igual a 1.218,8 kg abaixo da média para um desempenho observado igual a 1.220 kg abaixo da média.

### ***Baixa Acurácia - Risco x Oportunidade***

Há um grande risco de que o verdadeiro valor genético seja inferior ao predito. Isto será verificado à medida que aumente o número de registros de produção do animal ou que este seja avaliado com base em informações de progênie, por exemplo.

Por outro lado, há uma grande probabilidade de que o verdadeiro valor genético seja superior ao predito. Portanto, uma oportunidade de seleção. Isto será também constatado com o aumento do número de informações.

## Exercício Resolvido - Seleção em Gado Leiteiro

**Proposta de Seleção:** Das Seis Vacas da Tabela Abaixo, Selecionar as Duas Melhores

Vacas	Lactações				Média
	1	2	3	4	
A	2.000	2.100	3.300	2.800	2.550,0
B	3.050	2.300	4.200	3.800	3.587,5
C	2.000	3.200	3.000	-	2.733,3
D	2.800	3.300	-	-	2.900,0
E	3.500	-	-	-	3.500,0
F	3.150	-	-	-	3.150,0
GC	2.750	2.900	3.500	3.300	3.112,5

Produção dada Como Desvio da Média do GC (Desempenho)

Vacas	Lactações				Média
	1	2	3	4	
A	-750,0	-800,0	-200,0	-500,0	-562,5
B	300,0	400,0	700,0	500,0	475,0
C	-750,0	300,0	-500,0	-	-316,7
D	50,0	100,0	-	-	75,0
E	750,0	-	-	-	750,0
F	400,0	-	-	-	400,0

### Cálculo do Valor Genético

#### Equação de Predição

$$VG = \frac{ph^2}{1 + (p-1)r} (\bar{P}_i - u_p) ; b = \frac{ph^2}{1 + (p-1)r} \quad e \quad ACC = \sqrt{b}$$

#### Vaca A

$$VG = \frac{4 \times 0,40}{1 + 3 \times 0,50} (-562,5 \text{ kg}) = -360,0 \text{ kg}$$

$$b = \frac{4 \times 0,40}{1 + 3 \times 0,50} = 0,64 \quad e \quad ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,64} = 0,80$$

## Mérito Genético das Vacas

### *Equação de Predição*

$$VG = \frac{ph^2}{1 + (p-1)r} (\bar{P}_i - u_p) ; b = \frac{ph^2}{1 + (p-1)r} \quad e \quad ACC = \sqrt{b}$$

---

#### *Vaca B*

$$VG = \frac{4 \times 0,40}{1 + 3 \times 0,50} (475,0 \text{ kg}) = 304,0 \text{ kg}$$

$$b = \frac{4 \times 0,40}{1 + 3 \times 0,50} = 0,64 \quad e \quad ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,64} = 0,80$$

---

#### *Vaca C*

$$VG = \frac{3 \times 0,40}{1 + 2 \times 0,50} (-316,7 \text{ kg}) = -190,0 \text{ kg}$$

$$b = \frac{3 \times 0,40}{1 + 2 \times 0,50} = 0,60 \quad e \quad ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,60} = 0,78$$

---

#### *Vaca D*

$$VG = \frac{2 \times 0,40}{1 + 1 \times 0,50} (-316,7 \text{ kg}) = 39,8 \text{ kg}$$

$$b = \frac{2 \times 0,40}{1 + 1 \times 0,50} = 0,53 \quad e \quad ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,53} = 0,73$$

---

#### *Vaca E*

$$VG = \frac{1 \times 0,40}{1 + 0 \times 0,50} (750,0 \text{ kg}) = 300,0 \text{ kg}$$

$$b = \frac{1 \times 0,40}{1 + 0 \times 0,50} = h^2 = 0,40 \quad e \quad ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,40} = 0,63$$

---

#### *Vaca F*

$$VG = \frac{1 \times 0,40}{1 + 0 \times 0,50} (400,0 \text{ kg}) = 160,0 \text{ kg}$$

$$b = \frac{1 \times 0,40}{1 + 0 \times 0,50} = h^2 = 0,40 \quad e \quad ACC = \sqrt{b} = \sqrt{0,40} = 0,63$$

## Sumário

Vaca	Produção		Mérito Genético	
	N	P <sub>i</sub> - μ	VG	Acurácia
A	4	-562,5	-360,0	0,80
<b>B</b>	<b>4</b>	<b>475,0</b>	<b>+304,0</b>	<b>0,80</b>
C	3	-316,7	-190,0	0,78
D	2	75,0	+39,8	0,73
<b>E</b>	<b>1</b>	<b>750,0</b>	<b>+300,0</b>	<b>0,63</b>
F	1	400,0	+160,0	0,63

## Vacas Selecionadas

Vaca	Produção		Mérito Genético	
	N	P <sub>i</sub> - μ	VG	Acurácia
B	4	475,0	+304,0	0,80
E	1	750,0	+300,0	0,63

## Comparação Entre valores Genéticos das Vacas B e E

Note-se que a vaca **E** teve um desempenho igual a 750 kg, muito superior ao da vaca **B** (475 kg), mas o seu valor genético foi ligeiramente inferior. Note-se, então, que o desempenho da vaca **B** é o desempenho médio de 4 lactações enquanto que o desempenho da vaca **E** é baseado em apenas uma lactação. A acurácia da predição para a vaca **B** é igual a 0,80 enquanto que para a vaca **E** é apenas 0,63.

O valor genético predito é um valor ajustado para a acurácia, por isto, para a vaca **E**, ele é menor do que para a vaca **B**.

## Resposta à Seleção

$$\Delta G = i r_{\hat{A}A} \sqrt{h^2} \sigma_P$$

$$p = \frac{2}{6} = 0,33 \rightarrow i_{\hat{q}} = 1,15 \text{ Assumindo } i_{\sigma} = 0 \rightarrow i = \frac{0,00 + 1,15}{2} = 0,575$$

$$r_{\hat{A}A} = \text{Acurácia} = \frac{Ac(B) + Ac(E)}{2} = \frac{0,80 + 0,63}{2} = 0,715 ; h^2 = 0,40 ; \sigma_P = 633,2 \text{ kg}$$

$$\Delta G = 0,575 \times 0,715 \times \sqrt{0,40} \times 633,2 \text{ kg} = 164,6 \text{ kg}$$

## **Exercícios Propostos**

1. Uma vaca leiteira apresentou em três lactações uma produção média de 5.000 kg por lactação. Sabendo-se que a vaca pertence a um rebanho com média de 4.000 kg por lactação e que a herdabilidade e a repetibilidade da produção de leite são, respectivamente, 0,25 e 0,50, pede-se calcular a Capacidade Mais Provável de Produção (CMPP) dessa vaca.
2. Por quê devem ser considerados os efeitos de ambiente permanente na predição genética utilizando medidas repetidas?
3. O que é regressão na quantidade de informação?
4. Liste os fatores que afetam a acurácia e explique como cada um deles funciona.



## Seleção Fenotípica Individual Usando informações da Família

É um tipo de processo seletivo que considera o valor fenotípico médio de cada família como informação complementar ao valor fenotípico individual. As famílias podem ser meio-irmãos ou irmãos completos.

Este tipo de seleção tem aplicação principalmente em espécies que produzem ninhadas, como suínos, aves, coelhos, camundongos etc.

Considere-se o exemplo da tabela que se segue, referente ao peso de coelhos na desmama. Os indivíduos são agrupados em seis famílias, cada uma com seis indivíduos. Pretende-se escolher os seis melhores indivíduos entre os 36. Se a escolha for baseada no valor fenotípico individual, não há dificuldade em se definir os indivíduos B<sub>1</sub>, B<sub>2</sub>, B<sub>4</sub>, C<sub>2</sub> e D<sub>2</sub>, os dois primeiros pesando 800 g cada um e os três últimos com 750 g cada um. Há, no entanto, dois indivíduos pesando 700 g: A<sub>1</sub> e D<sub>5</sub>. O indivíduo D<sub>5</sub> está em uma família de média mais alta (633,3 g) do que o A<sub>1</sub>(603,3 g). Qual deles deveria ser o sexto coelho a ser selecionado? A decisão depende da natureza das diferenças entre as famílias. Se as diferenças são principalmente diferenças de mérito genético, deve-se escolher D<sub>5</sub>; Se essas diferenças são devidas a desvios ambientais, deve-se escolher A<sub>1</sub>, admitindo-se que a baixa média familiar indica ambiente desfavorável e que o animal teve bom desempenho apesar das condições de ambiente desfavoráveis.

O problema, no entanto, não é simplesmente discriminar entre indivíduos de mesmo valor fenotípico, mas sim, encontrar a ponderação correta a ser dada à média familiar. A aplicação dos critérios corretos de ponderação irá mostrar que, no exemplo acima referido, o procedimento correto será escolher o indivíduo F<sub>4</sub>, com peso de 680 g e não A<sub>1</sub> ou D<sub>5</sub> com 700 g. (veja exemplo a seguir)

Para o cálculo da melhor ponderação para a média da família, três variáveis precisam ser conhecidas: o tipo de família (meio-irmãos ou irmãos completos), o número de indivíduos nas famílias (tamanho da família) e a correlação fenotípica entre membros das famílias no que diz respeito à característica em questão (Falconer, 1981).

### Peso dos Coelhos na Desmama

Coelho	Famílias de Irmãos Completos						Geral
	A	B	C	D	E	F	
1	<u>700</u>	<b>800</b>	600	600	250	420	
2	600	<b>800</b>	<b>750</b>	<b>750</b>	350	250	
3	650	600	600	550	340	380	
4	650	<b>750</b>	600	600	300	680	
5	600	650	550	<u>700</u>	250	580	
6	420	650	550	600	350	640	
Soma	3.620	4.250	3.650	3.800	1.840	2.950	20.110
Média	603,3	708,3	608,3	633,3	306,7	491,7	558,6
Desvio	47,7	149,7	49,7	74,7	-251,9	-66,9	-

A solução deste problema aparentemente complexo é, na verdade, simples, embora as demonstrações dos princípios em que o procedimento se baseia possam ser um pouco mais elaboradas.

Todos os conceitos desenvolvidos neste capítulo foram extraídos ou adaptados de Falconer (1981).

## ***Cr terios Para a Sele o***

O valor fenot pico de um indiv duo (**P**), dado como desvio da m dia da popula o,   a soma de duas partes:

1. Desvio da m dia da fam lia em rela o   m dia da popula o (**P<sub>f</sub>**)
2. Desvio dos valores individuais em rela o   m dia da fam lia (**P<sub>w</sub>**). **P = P<sub>f</sub> + P<sub>w</sub>**.

Por exemplo: o valor do indiv duo A<sub>1</sub> (700) dado como desvio da m dia da popula o (558,6)   igual ao desvio da m dia familiar (603,3) em rela o   m dia da popula o (558,6) mais o desvio do valor individual (700) em rela o   m dia da sua fam lia (603,3), ou seja,

$$(700 - 558,6) = (603,3 - 558,6) + (700 - 603,3)$$
$$P = P_f + P_w$$

O processo de sele o varia, ent o, de acordo com a pondera o dada   cada uma das duas partes. Desta forma, poderiam ser considerados os seguintes procedimentos:

**1. Sele o Fenot pica Individual** - baseada unicamente no valor fenot pico dos indiv duos, dando pesos iguais aos dois componentes (**P<sub>f</sub>** e **P<sub>w</sub>**).  , normalmente, o m todo mais simples de operar e, em muitos casos, o que oferece maior resposta   sele o. Deve ser usada preferencialmente.

**2. Sele o Entre Fam lias** - baseada unicamente na m dia familiar (**P<sub>f</sub>**), dando-se peso zero aos desvios dentro de fam lia (**P<sub>w</sub>**). A fam lia   selecionada ou eliminada no total, de acordo com o seu valor fenot pico m dio (dado como desvio da m dia da popula o). A sua efic cia baseia-se no fato de que ao se considerar a m dia familiar, considera-se que a m dia dos desvios ambientais dentro de cada fam lia   zero e que, assim, a m dia fenot pica representa um valor muito pr ximo da m dia genot pica. A vantagem, neste caso, se torna maior quando os desvios ambientais (ambiente tempor rio) constituem grande parte da vari ncia fenot pica, ou seja, quando a herdabilidade   baixa.

Por outro lado, varia o ambiental comum aos membros de uma mesma fam lia (ambiente permanente ou, para as esp cies mult paras, ambiente comum aos irm os) diminui a efic cia da sele o familiar. Se este componente   grande, pode “mascarar” as diferen as gen ticas entre as fam lias tornando a sele o ineficaz. A vari ncia de ambiente comum   produzida pelas diferen as entre m es no que concerne ao efeito materno, principalmente a produ o de leite. F meas boas produtoras de leite fornecem um ambiente bom a toda a sua ninhada (ambiente comum aos membros da fam lia). F meas com baixa produ o de leite fornecem ambiente ruim a toda a sua ninhada. A vari ncia dessa produ o de leite das m es leva   vari ncia devida ao ambiente comum aos membros de uma mesma fam lia. Se a vari ncia de ambiente comum   grande, fam lias de m dia alta podem ser constitu das de prog nies de m es de alta produ o de leite enquanto que as fam lias de m dia baixa podem ser provenientes de m es com baixa produ o de leite. Assim, as fam lias de m dias altas n o representam “elevado m rito gen tico” e as fam lias de m dias baixas n o representam “baixo m rito gen tico”. O tamanho da ninhada (n mero de indiv duos) tamb m   importante. Quanto maior o n mero de indiv duos na fam lia, mais pr xima   a correspond ncia entre valor fenot pico m dio e valor genot pico m dio. Assim, as condi es que favorecem a sele o entre fam lias s o: herdabilidade baixa e vari ncia de ambiente comum baixa.

■ **Sib Selection** -   o mesmo que *Teste de Irm os*.   uma variante da sele o entre fam lias (sele o familiar) em que o indiv duo a ser selecionado n o contribui para a m dia da fam lia. Se a fam lia   grande, a sele o

familiar e o “*Teste de Irmãos*” são equivalentes e pode-se usar o mesmo termo para expressá-los. É útil principalmente para características limitadas pelo sexo (produção de leite, produção de ovos etc) e para características nas quais a avaliação de desempenho depende do abate dos animais, como características de carcaça e de qualidade de carne. Em aves, por exemplo, a seleção para características de carcaça e de qualidade de carne é, muitas vezes, feita com base no *Teste de Irmãos*.

3. *Seleção Dentro de Famílias* - baseada nos desvios dos valores individuais em relação à média da família. Dá-se peso zero à média da família. Os melhores indivíduos dentro de cada família são escolhidos. A condição principal para que o método seja vantajoso é a existência de grande variância devida ao ambiente comum aos membros da mesma família. Um bom exemplo dessa situação pode ser verificada na fase pré-desmama em coelhos e em suínos em que fêmeas com alta produção de leite exercem grande influência no aumento das médias das suas famílias. Os indivíduos dentro de cada família são afetados igualmente pela produção da mãe, por isso se denomina efeito de ambiente comum aos membros da família.

4. *Seleção Combinada* - Ao invés da utilização de um ou de outro entre os procedimentos anteriores usa-se o procedimento baseado na ponderação adequada dos componentes de média familiar ( $P_f$ ) e de desvios dentro das famílias ( $P_w$ ). Em princípio, é o melhor procedimento de seleção envolvendo os desempenhos das famílias. Os procedimentos anteriores são casos particulares deste, com peso 1 ou zero para cada um dos componentes. O desenvolvimento da ponderação adequada será feito um pouco mais à frente.

### **Mérito Relativo dos Métodos**

O mérito relativo dos métodos é avaliado com base na estimação da resposta à seleção ou progresso genético esperado para cada um deles. Todas as equações a seguir, e seus desenvolvimentos, foram extraídos de Falconer (1981).

### **Resposta à Seleção Para os Diferentes Métodos**

<p><b>Seleção Individual</b></p> <p><math>\Delta G = ih^2\sigma_p</math></p> <p><i>i</i> = intensidade de seleção  <math>h^2</math> = coeficiente de herdabilidade da característica  <math>\sigma_p</math> = desvio-padrão fenotípico da característica</p> <hr style="border-top: 1px dashed black;"/> <p><b>Seleção Familiar</b></p> <p>O conceito é o mesmo da seleção individual, mas deve-se considerar, neste caso, as herdabilidades da média familiar (<math>h_f^2</math>) e dos desvios dentro de família (<math>h_w^2</math>).</p> <p><math>\Delta G_f = ih_f^2\sigma_f</math> [Seleção entre famílias]  <math>\Delta G_w = ih_w^2\sigma_w</math> [Seleção dentro de famílias]</p> <p><i>i</i> = intensidade de seleção  <math>h_f^2</math> = coeficiente de herdabilidade da média familiar  <math>h_w^2</math> = coeficiente de herdabilidade dos desvios dentro de família  <math>\sigma_f</math> = desvio-padrão fenotípico da média familiar  <math>\sigma_w</math> = desvio-padrão fenotípico dos desvios dentro de família</p>
--

**Variâncias Fenotípica e Genética**

Para o desenvolvimento das expressões de  $h_f^2$  e de  $h_w^2$  faz-se necessário estabelecer, antes, as variâncias fenotípicas e genéticas relacionadas com a média familiar e com os desvios dentro de família.

No desenvolvimento a seguir assume-se que as famílias têm o mesmo tamanho, ou seja, o mesmo número de indivíduos.

**Variância Fenotípica**

Considerando  $n$  = número de indivíduos por família, tem-se:

$$\sigma_f^2 = \text{Var}(\bar{X}) = \text{Var}\left[\frac{1}{n}(X_1+X_2+\dots+X_n)\right] = \frac{1}{n^2}\text{Var}[(X_1 + X_2+\dots+X_n)] \Rightarrow$$

$$\sigma_f^2 = \frac{1}{n^2} [(n)\text{Var}(X_i)] + \frac{1}{n^2}\left[\frac{n(n-1)}{2} \times 2\text{Cov}(X_i X_i')\right] = \frac{1}{n} \text{Var}(X_i) + \frac{(n-1)}{n} \text{Cov}(X_i X_i')$$

No entanto,

$$\text{Var}(X_i) = \text{Variância dos valores individuais} = V_P$$

$$\text{Var}(\bar{X}) = \text{Variância das médias das famílias} = \sigma_B^2$$

$$t = \frac{\sigma_B^2}{\sigma_T^2} \text{ (em que } t = \text{ correlação intra-classe) } \Rightarrow \sigma_B^2 = t\sigma_T^2 = tV_P$$

Mas,

$$\sigma_B^2 = \text{Cov}(X_i X_i') \Rightarrow \text{Cov}(X_i X_i') = tV_P$$

$$\sigma_f^2 = \text{Var}(\bar{X}) = \frac{1}{n}\text{Var}(X_i) + \frac{(n-1)}{n} \text{Cov}(X_i X_i') = \frac{1}{n}V_P + \frac{(n-1)t}{n} V_P = \frac{1+(n-1)t}{n} V_P$$

**Variância Genética Aditiva**

$$\text{Cov}(X_i X_i') = a_{ii'} V_A$$

$a_{ii'}$  = covariância genética (parentesco de Wright) entre os membros da família

$$\sigma_f^2 = \frac{1}{n}\text{Var}(X_i) + \frac{(n-1)}{n} \text{Cov}(X_i X_i') = \frac{1}{n}V_A + \frac{(n-1)}{n} a_{ii'} V_A = \frac{1+(n-1) a_{ii'}}{n} V_A$$

## Variâncias dos Desvios Dentro de Famílias

### Variância Fenotípica

$$\sigma_w^2 = \sigma_T^2 - \sigma_f^2 = V_P - \frac{1+(n-1)t}{n} V_P \rightarrow$$

$$\sigma_w^2 = \frac{(n-1)(1-t)}{n} V_P$$

---

### Variância Genética Aditiva

$$\sigma_w^2 = \sigma_A^2 - \sigma_f^2 = V_A - \frac{1+(n-1) a_{ii'}}{n} V_A \rightarrow$$

$$\sigma_w^2 = \frac{(n-1)(1-a_{ii'})}{n} V_A$$

## Herdabilidade

O conceito de herdabilidade aplicado à média familiar e aos desvios dentro de família é o mesmo conceito que foi aplicado aos valores individuais, ou seja, herdabilidade é simplesmente a razão entre as variâncias genética aditiva e fenotípica (Falconer, 1981).

### Herdabilidade das Médias Familiares

$$h_f^2 = \frac{V_{A_f}}{V_{P_f}} = \frac{\frac{1+(n-1) a_{ii'}}{n} V_A}{\frac{1+(n-1) t}{n} V_P} = \frac{1+(n-1) a_{ii'}}{1+(n-1) t} h^2$$

---

### Herdabilidade dos Desvios Dentro de Famílias

$$h_w^2 = \frac{V_{w_f}}{V_{P_f}} = \frac{\frac{(n-1)(1-a_{ii'})}{n} V_A}{\frac{(n-1)(1-t)}{n} V_P} = \frac{(n-1)(1-a_{ii'}) V_A}{(n-1)(1-t) V_P} = \frac{1-a_{ii'}}{1-t} h^2$$

---

### Herdabilidade da Seleção de Irmãos (Sib Selection)

$$h_f^2 = \frac{1+(n-1) a_{ii'}}{1+(n-1) t} h^2 \quad (\text{Falconer, 1981 - página 213})$$

**Seleção Entre Famílias**

$$\Delta G_f = ih_f^2 \sigma_f \quad (\text{Equação 11})$$

De acordo com o que se obteve anteriormente, para as herdabilidades, tem-se:

$$h_f^2 = \frac{1 + (n-1) a_{ii'}}{1 + (n-1)t} h^2$$

$$\sigma_f^2 = \frac{1 + (n-1)t}{n} \sigma_P^2 \rightarrow \sigma_f = \sqrt{\frac{1 + (n-1)t}{n} \sigma_P^2} = \sqrt{\frac{1 + (n-1)t}{n}} \sigma_P$$

Substituindo-se os termos da equação 11 pelas expressões acima, tem-se:

$$\Delta G_f = i \left[ \frac{1 + (n-1) a_{ii'}}{1 + (n-1)t} h^2 \right] \left[ \sqrt{\frac{1 + (n-1)t}{n}} \sigma_P \right] = \left[ \frac{1 + (n-1) a_{ii'}}{1 + (n-1)t} \right] \left[ \sqrt{\frac{1 + (n-1)t}{n}} \right] ih^2 \sigma_P$$

Cancelando-se os termos comuns, tem-se:

$$\Delta G_f = \frac{1 + (n-1) a_{ii'}}{\sqrt{n[1 + (n-1)t]}} ih^2 \sigma_P$$

Ou ainda

$$\Delta G_f = \Delta_f \cdot \Delta G$$

Sendo:

$$\Delta_f = \frac{1 + (n-1) a_{ii'}}{\sqrt{n[1 + (n-1)t]}} \quad [\text{fator de ajuste da seleção familiar}]$$

$$\Delta G = ih^2 \sigma_P \quad [\text{ganho genético da seleção individual}]$$

**Seleção Dentro de famílias**

$$\Delta G_w = ih_w^2 \sigma_w \quad (\text{Equação 12})$$

De acordo com o que se obteve anteriormente, tem-se:

$$h_w^2 = \frac{1 - a_{ii'}}{1 - t} h^2$$

$$\sigma_w^2 = \frac{(n-1)(1-t)}{n} \sigma_P^2 \rightarrow \sigma_w = \sqrt{\frac{(n-1)(1-t)}{n} \sigma_P^2} = \sqrt{\frac{(n-1)(1-t)}{n}} \sigma_P$$

**Seleção Dentro de Famílias - Continuação**

Substituindo-se os termos da equação 12 pelas expressões acima, tem-se:

$$\Delta G_w = i \left[ \frac{1-a_{ii'}}{1-t} h^2 \right] \left[ \sqrt{\frac{(n-1)(1-t)}{n}} \sigma_P \right]$$

Cancelando-se os termos comuns e rearranjando os termos restantes,

$$\Delta G_w = (1-a_{ii'}) \sqrt{\frac{(n-1)}{n(1-t)}} ih^2 \sigma_P \quad \rightarrow \quad \Delta G_w = \Delta_w \times \Delta G$$

Sendo:

$$\Delta_w = (1-a_{ii'}) \sqrt{\frac{n-1}{n(1-t)}} \quad [\text{fator de ajuste da seleção dentro de família}]$$

$$\Delta G = ih^2 \sigma_P \quad [\text{ganho genético da seleção individual}]$$

**Sib Selection (Teste de Irmãos)**

$$\Delta G_s = ih_s^2 \sigma_s \quad (\text{Equação 13})$$

Sib Selection é um tipo de seleção em que o indivíduo avaliado não participa como fonte de informação. De acordo com o que foi visto anteriormente tem-se:

$$h_s^2 = \frac{n a_{ii'}}{1 + (n-1)t} h^2 \quad e \quad \sigma_s = \sqrt{\frac{1 + (n-1)t}{n}} \sigma_P$$

Substituindo-se os termos da equação 13 pelas expressões acima,

$$\Delta G_s = i \left[ \frac{n a_{ii'}}{1 + (n-1)t} h^2 \right] \left[ \sqrt{\frac{1 + (n-1)t}{n}} \sigma_P \right]$$

Cancelando-se os termos comuns e rearranjando, tem-se:

$$\Delta G_s = \frac{n a_{ii'}}{\sqrt{n[1+(n-1)t]}} ih^2 \sigma_P \quad \rightarrow \quad \Delta G_s = \Delta_s \cdot \Delta G$$

Sendo:

$$\Delta_s = \frac{n a_{ii'}}{\sqrt{n[1 + (n - 1)t]}} \quad [\text{fator de ajuste para Sib Selection (Teste de Irmãos)}]$$

$$\Delta G = ih^2 \sigma_P \quad [\text{ganho genético da seleção individual}]$$

## Resposta à Seleção - Seleção Combinada

### Seleção Individual

$$VG = h^2 P_i$$

$$P_i = P_i - \mu = \text{Desempenho Individual}$$

---

### Seleção Combinada

Na seleção combinada,

$$P_i = P_w + P_f \quad \text{e, portanto,}$$

$$VG = I = h_w^2 P_w + h_f^2 P_f$$

$I$  = índice que representa o valor genético da seleção combinada

---

$$h_w^2 = \frac{1 - a_{ii'}}{1 - t} h^2 \quad \text{e} \quad h_f^2 = \frac{1 + (n-1) a_{ii'}}{1 + (n-1)t} h^2$$

$$I = \left[ \frac{1 - a_{ii'}}{1 - t} h^2 \right] P_w + \left[ \frac{1 + (n-1) a_{ii'}}{1 + (n-1)t} h^2 \right] P_f$$

Omitindo-se o termo  $h^2$  (comum às duas partes e, por isto não interfere na ordenação dos indivíduos)

$$I = \left[ \frac{1 - a_{ii'}}{1 - t} \right] P_w + \left[ \frac{1 + (n-1) a_{ii'}}{1 + (n-1)t} \right] P_f$$

Rearranjando os termos, tem-se:

$$I = P + \left[ \frac{a_{ii'} - t}{1 - a_{ii'}} \times \frac{n}{1 + (n-1)t} \right] P_f$$

E o ganho genético é dado (Falconer, 1981) por:

$$\Delta G_C = \Delta_C \cdot \Delta G$$

Sendo:

$$\Delta_C = \sqrt{1 + \frac{(a_{ii'} - t)^2}{1 - t} \times \frac{n-1}{1 + (n-1)t}} \quad \text{[fator de ajuste para a seleção combinada]}$$

$$\Delta G = ih^2 \sigma_p \quad \text{[ganho genético da seleção individual]}$$



## Exemplo I - Seleção Para Peso à Desmama em Coelhoos

Proposta de Seleção - Selecionar os Seis Melhores Coelhoos em Uma População de 36 Agrupados em Seis Famílias.

Peso dos Coelhoos na Desmama

Coelho	Famílias de Irmãos Completos						Geral
	A	B	C	D	E	F	
1	<u>700</u>	<b>800</b>	600	600	250	420	
2	600	<b>800</b>	<b>750</b>	<b>750</b>	350	250	
3	650	600	600	550	340	380	
4	650	<b>750</b>	600	600	300	680	
5	600	650	550	<u>700</u>	250	580	
6	420	650	550	600	350	640	
Soma	3.620	4.250	3.650	3.800	1.840	2.950	20.110
Média	603,3	708,3	608,3	633,3	306,7	491,7	558,6
Desvio	44,7	149,7	49,7	74,7	-251,9	-66,9	-

Indivíduos Selecionados Com Base no Valor Fenotípico Individual

Animal	Peso (g)
B <sub>1</sub>	800
B <sub>2</sub>	800
B <sub>4</sub>	750
C <sub>2</sub>	750
D <sub>2</sub>	750
Dúvida	
A <sub>1</sub>	700
D <sub>5</sub>	700

### Estimação da Correlação Intra-Classe

A correlação intra-classe (**t**) define a natureza das diferenças entre as médias das famílias. Para sua estimação, será utilizada a análise de variância (ANOVA).

Valor de correlação intra-classe maior do que a covariância genética (parentesco, segundo Wright) indica influência do ambiente comum nas diferenças entre as médias das famílias. Se há influência do ambiente comum, as famílias de média alta não representam necessariamente indivíduos de maior mérito genético, assim como as famílias de média baixa não representam indivíduos de menor mérito genético. Valor de correlação intra-classe (**t**) muito maior do que o valor da covariância genética indica grande influência do ambiente comum.

A correlação intra-classe é estimada pela relação entre os componentes de variância entre famílias e a variância fenotípica. A variância fenotípica é simplesmente a soma dos componentes de variância entre famílias e dentro de famílias. Esses componentes são obtidos por meio da Análise de Variância (Anova).

*Modelo:  $Y_{ij} = \mu + \alpha_i + e_{ij}$*

---

**Somatória**

$$Y_{..} = \sum_i Y_{ij} = 700 + 600 + \dots + 640 = 20.110$$

$$N = \sum_i n_i = 6 + 6 + 6 + 6 + 6 + 6 = 36$$

$$\sum Y_{ij}^2 = (700)^2 + (600)^2 + \dots + (640)^2 = 12.128.700,0$$

$$\frac{Y_{..}^2}{N} = \frac{(20.110)^2}{36} = \frac{404.412.100}{36} = 11.236.669,4$$

$$n_1 = n_2 = \dots = n_6 = r = 6 \rightarrow$$

$$\sum \frac{Y_i^2}{n_i} = \frac{1}{r} [\sum_i Y_i^2] = \frac{1}{6} [(3.620)^2 + (4.250)^2 + (3.650)^2 + (3.800)^2 + (1.840)^2 + (2.950)^2] \rightarrow$$

$$\sum \frac{Y_i^2}{n_i} = \frac{1}{6} [71.017.500] = 11.836.250,0$$

**Cálculo das Somas de Quadrado**

$$SQ_{Total} = \sum_{ij} Y_{ij}^2 - \frac{Y_{..}^2}{N} = 12.128.700 - 11.236.669,4 = 892.030,6$$

$$SQ_{Entre} = \sum_i \frac{Y_i^2}{n_i} - \frac{Y_{..}^2}{N} = 11.836.250 - 11.236.669,4 = 599.580,6$$

$$SQ_{Dentro} = \sum_{ij} Y_{ij}^2 - \sum_i \frac{Y_i^2}{n_i} = 12.128.700 - 11.836.250 = 292.450,0$$

Quadro de Anova

FV	GL	SQ	QM	E(QM)
Entre	5	599.580,6	119.916,1	$\sigma_w^2 + k\sigma_B^2$
Dentro	30	292.450,0	9.748,3	$\sigma_w^2$
Total	35	892.030,6	-	-

### *Correlação Intra-Classe e Resposta à Seleção*

Notar que, neste caso, peso à desmama, a seleção dentro de famílias forneceu maior ganho genético (29 g) do que a seleção entre famílias (26 g). Isto porque o valor de  $t$  (correlação intra-classe) é maior do que o da covariância genética. A covariância genética é igual a 0,5 (irmãos completos) enquanto que o valor de  $t$  é igual a 0,65, indicando alguma influência do ambiente comum nas diferenças entre as médias das famílias.

A diferença entre os valores da covariância genética e de  $t$  não foi, no entanto, grande. Quanto maior o valor da correlação intra-classe ( $t$ ), maior será essa diferença e, conseqüentemente, maior a influência do ambiente comum na determinação das diferenças entre as médias das famílias.

#### **Machos Selecionados (de Acordo com o Método)**

##### 1. Indivíduos Selecionados com Base em Seus Próprios Desempenho

Animal	Peso (g)
B <sub>1</sub>	800
B <sub>2</sub>	800
B <sub>4</sub>	750
C <sub>2</sub>	750
D <sub>2</sub>	750

##### Dúvida

Animal	Peso
A <sub>1</sub>	700
D <sub>5</sub>	700

##### 2. Indivíduos Selecionados Com Base nas Médias das Famílias (Seleção Entre Famílias)

D <sub>1</sub>	800
D <sub>2</sub>	800
D <sub>3</sub>	600
D <sub>4</sub>	750
D <sub>5</sub>	650
D <sub>6</sub>	650

##### 3. Indivíduos Selecionados Com Base nos Desvios Dentro de Famílias (Seleção Dentro)

A <sub>1</sub>	700
B <sub>1</sub> ou B <sub>2</sub>	800
C <sub>2</sub>	750
D <sub>2</sub>	750
E <sub>2</sub>	350
F <sub>4</sub>	680

## Seleção Combinada

Na seleção combinada será estabelecido um índice que considera o desempenho individual e a média da família

**Índice** =  $E(A)$  ou seja, o índice representa o valor genético médio

$$I = P + \left[ \frac{a_{ii'} - t}{1 - a_{ii'}} \times \frac{n}{1 + (n-1)t} \right] P_f$$

$a_{ii'} = 0,5$  (irmãos completos) e  $t = 0,65$

$$I = P + \left[ \frac{0,5 - 0,65}{1 - 0,5} \times \frac{6}{1 + 5(0,65)} \right] P_f = P + \left[ \frac{-0,15}{0,5} \times \frac{6}{4,25} \right] P_f = P + \frac{-0,9}{2,125} P_f \rightarrow$$

$$I = P - 0,42 \times P_f$$

Peso dos Coelho e Desvios das Médias das Famílias em Relação à Média da População

Coelho	Famílias de Irmãos Completos					
	A	B	C	D	E	F
1	<u>700</u>	800	600	600	250	420
2	600	800	750	750	350	250
3	650	600	600	550	340	380
4	650	750	600	600	300	680
5	600	650	550	<u>700</u>	250	580
6	420	650	550	600	350	640
Desvio	44,7	149,7	49,7	74,7	-251,9	-66,9

Cálculo dos Índices

$$I = P - 0,42 \times P_f$$

Coelhos da Família A

$$A_1 = 700 - 0,42(44,7) = 681,2$$

$$A_2 = 600 - 0,42(44,7) = 581,2$$

$$A_3 = 650 - 0,42(44,7) = 631,2$$

$$A_4 = 650 - 0,42(44,7) = 631,2$$

$$A_5 = 600 - 0,42(44,7) = 581,2$$

$$A_6 = 420 - 0,42(44,7) = 401,2$$

*Cálculo dos Índices - Continuação*

<b><math>I = P - 0,42 \times P_f</math></b>					
<i>Coelhos da Família B</i>					
$B_1 = 800 - 0,42(149,7) = 737,1$	$B_2 = 800 - 0,42(149,7) = 737,1$	$B_3 = 600 - 0,42(149,7) = 537,1$			
$B_4 = 750 - 0,42(149,7) = 687,1$	$B_5 = 650 - 0,42(149,7) = 587,1$	$B_6 = 650 - 0,42(149,7) = 587,1$			
<i>Coelhos da Família C</i>					
$C_1 = 600 - 0,42(49,7) = 579,1$	$C_2 = 750 - 0,42(49,7) = 729,1$	$C_3 = 600 - 0,42(49,7) = 579,1$			
$C_4 = 600 - 0,42(49,7) = 579,1$	$C_5 = 550 - 0,42(49,7) = 529,1$	$C_6 = 550 - 0,42(49,7) = 529,1$			
<i>Coelhos da Família D</i>					
$D_1 = 600 - 0,42(74,7) = 568,6$	$D_2 = 750 - 0,42(74,7) = 718,6$	$D_3 = 550 - 0,42(74,7) = 518,6$			
$D_4 = 600 - 0,42(74,7) = 568,6$	$D_5 = 700 - 0,42(74,7) = 668,6$	$D_6 = 600 - 0,42(74,7) = 568,6$			
<i>Coelhos da Família E</i>					
$E_1 = 250 - 0,42(-251,9) = 355,8$	$E_2 = 350 - 0,42(-251,9) = 455,8$	$E_3 = 340 - 0,42(-251,9) = 445,8$			
$E_4 = 300 - 0,42(-251,9) = 405,8$	$E_5 = 250 - 0,42(-251,9) = 355,8$	$E_6 = 350 - 0,42(-251,9) = 455,8$			
<i>Coelhos da Família F</i>					
$F_1 = 420 - 0,42(-66,9) = 448,1$	$F_2 = 250 - 0,42(-66,9) = 278,1$	$F_3 = 380 - 0,42(-66,9) = 408,1$			
$F_4 = 680 - 0,42(-66,9) = 708,1$	$F_5 = 580 - 0,42(-66,9) = 608,1$	$F_6 = 640 - 0,42(-66,9) = 668,1$			

*Índices dos Coelhos (Sumário)*

Coelho	Família					
	A	B	C	D	E	F
1	681,2	737,1	579,1	568,6	355,8	448,1
2	581,2	737,1	729,1	718,6	455,8	278,1
3	631,2	537,1	579,1	518,6	445,8	408,1
4	631,2	687,1	579,1	568,6	405,8	708,1
5	581,2	587,1	529,1	668,6	355,8	608,1
6	401,2	587,1	529,1	568,6	455,8	668,1

Machos Selecionados			
Ordem	Animal	Índice	Peso
1	B <sub>1</sub>	737,1	800
2	B <sub>2</sub>	737,1	800
3	C <sub>2</sub>	729,1	750
4	D <sub>2</sub>	718,6	750
5	F <sub>4</sub>	708,1	680
6	B <sub>4</sub>	687,1	750
-	A <sub>1</sub>	681,2	700
-	D <sub>5</sub>	668,6	700

Observar que os cinco coelhos selecionados, sem dúvida, com base no valor fenotípico individual foram os mesmos selecionados com base no procedimento de seleção combinada. Isto ocorreu porque o valor da correlação intra-classe (0,65) não foi muito diferente do valor da covariância genética (0,50), indicando que a influência do ambiente comum nas diferenças entre as médias das famílias não foi grande. No entanto a influência existiu. O sexto coelho selecionado foi o F<sub>4</sub> com peso igual a 680 kg, em uma família de média baixa (491,0 kg), em detrimento da seleção de A<sub>1</sub> ou de D<sub>5</sub> que pertencem a famílias de médias mais altas (603,3 e 633,3, respectivamente).

### Comparação Entre os Métodos em Relação à Resposta à Seleção

#### 1. Seleção Fenotípica Individual

$$\Delta G = ih^2\sigma_p = 0,75 \times 0,3 \times 167,6 = 37,7g$$

#### 2. Seleção Combinada

$$\Delta G_C = \Delta_C \times \Delta G$$

$$\Delta_C = \text{Fator de ajuste}$$

$$\Delta_C = \sqrt{1 + \frac{(a_{ii'} - t)^2}{1-t} \times \frac{n-1}{1+(n-1)t}} = \sqrt{1 + \frac{(0,5 - 0,65)^2}{1 - 0,65} \times \frac{6-1}{1+(6-1) \times 0,65}} = 1,04$$

$$\Delta G = 37,5g \rightarrow \Delta G_C = 1,04 \times 37,7 = 39,2g$$

**Conclusão:** A seleção combinada resultou em maior ganho genético do que a seleção entre famílias ou dentro de famílias e, também, maior do que a fenotípica individual.

## Exemplo 2 - Seleção Para Peso Pós-Desmama em Coelhoos

Selecionar os Seis Melhores Coelhoos Machos em Uma População de 36

Peso de Coelhoos Machos na 10ª Semana de Vida							
Coelho	Famílias de Irmãos Completos						Geral
	A	B	C	D	E	F	
1	1.950	2.050	2.100	1.800	1.550	1.380	
2	1.900	<u>2.250</u>	2.350	2.600	1.750	950	
3	2.000	2.100	1.980	2.200	1.650	1.400	
4	1.750	1.800	2.000	1.950	1.550	<u>2.250</u>	
5	1.900	2.200	1.950	2.400	1.350	2.300	
6	1.600	1.800	2.300	<u>2.250</u>	1.100	<u>2.250</u>	
Soma	11.100	12.200	12.680	13.200	8.950	10.530	68.660
Média	1.850,0	2.033,3	2.113,3	2.200,0	1.491,7	1.755,0	1.907,2
Desvio	-57,2	126,1	206,1	292,8	-415,5	-152,2	-

*Índividuos Selecionados com Base no valor Fenotípico Individual*

D <sub>2</sub>	2.600
D <sub>5</sub>	2.400
C <sub>2</sub>	2.350
C <sub>6</sub>	2.300
F <sub>5</sub>	2.300
Dúvida	
B <sub>2</sub>	2.250
D <sub>6</sub>	2.250
F <sub>3</sub>	2.250
F <sub>6</sub>	2.250

*Estimação da Correlação Intraclasse (t)*

Como discutido na avaliação do peso à desmama, o valor da correlação intra-classe (**t**) define a natureza das diferenças entre as médias das famílias.

O valor da correlação intra-classe maior do que o valor da covariância genética indica influência do ambiente comum nas diferenças entre as médias das famílias. Se há influência do ambiente comum, as famílias de média alta não representam necessariamente indivíduos de maior mérito genético, assim como as famílias de média baixa não representam indivíduos de menor mérito genético.

Para a estimação da correlação intra-classe (**t**) utiliza-se análise de variância (Anova).

$$\text{Modelo: } Y_{ij} = \mu + \alpha_i + e_{ij}$$

**Somatória Para Análise de Variância**

$$Y_{..} = \sum_i Y_{ij} = 1.950 + 1.900 + \dots + 2.250 = 68.660$$

$$N = \sum_i n_i = 6 + 6 + 6 + 6 + 6 + 6 = 36$$

$$\sum Y_{ij}^2 = 1.950^2 + 1.900^2 + \dots + 2.250^2 = 135.854.800$$

$$\frac{Y_{..}^2}{N} = \frac{68.660^2}{36} = 130.949.877,8$$

$$\sum \frac{Y_i^2}{n_i} = \frac{1}{6}(11.100^2 + 12.200^2 + 12.680^2 + 13.200^2 + 8.950^2 + 10.530^2) = 133.009.300,0$$

1. Soma de Quadrados Total

$$SQT = \sum Y_{ij}^2 - \frac{Y_{..}^2}{N} = 135.854.800,0 - 130.949.877,8 = 4.904.922,2$$

2. Soma de Quadrado Entre Grupos (Entre Famílias)

$$SQ_{Entre} = \sum_i \frac{Y_i^2}{n_i} - \frac{Y_{..}^2}{N} = 133.009.300,0 - 130.949.877,8 = 2.059.422,2$$

3. Soma de Quadrados Dentro de Grupos

$$SQ_{Dentro} = \sum Y_{ij}^2 - \sum_i \frac{Y_i^2}{n_i} = 135.854.800,0 - 133.009.300,0 = 2.845.500,0$$

Quadro de Anova

FV	GL	SQ	QM	E(QM)
Entre	5	2.059.422,2	411.884,2	$\sigma_w^2 + 6\sigma_B^2$
Dentro	30	2.845.500,0	94.850,0	$\sigma_w^2$
Total	35	4.845.500,0	-	-



***Estimação dos Componentes de Variância***

$$\sigma_W^2 = 94.850,0$$

$$\sigma_W^2 + 6\sigma_B^2 = 411.884,4 \rightarrow$$

$$\sigma_B^2 = \frac{411.884,4 - 94.850,0}{6} = 52.839,1$$

$$\sigma_T^2 = \sigma_P^2 = \sigma_B^2 + \sigma_W^2 = 52.839,1 + 94.850 = 147.689,1$$

---

***Correlação Intra-Classe (t)***

$$t = \frac{\sigma_B^2}{\sigma_T^2} = \frac{52.839,1}{147.689,1} = 0,36$$

---

***Intensidade Seletiva Utilizada***

$$P = \frac{6}{36} = 0,1667 = 16,67\%$$

$$P = 16,67\% \rightarrow T = 0,965 \quad [\text{Tabela de áreas da curva normal}]$$

$$T = 0,965 \rightarrow z = 0,25 \quad [\text{Tabela de ordenadas da curva normal}]$$

$$i_\sigma = \frac{z}{P} = \frac{0,25}{0,1667} = 1,5$$

---

***Parâmetros Populacionais Utilizados***

$$n = 6 \quad (\text{número de indivíduos por família})$$

$$a_{n'} = 0,5 \quad (\text{irmãos completos})$$

$$h^2 = 0,30 \quad (\text{Assumido})$$

$$\sigma_P = \sqrt{\sigma_T^2} = \sqrt{147.689,1} = 384,3$$

$$t = 0,36$$

$$i_\sigma = 1,5$$

Estimação da Resposta à Seleção

**1. Seleção Fenotípica Individual**

$$\Delta G = ih^2\sigma_P$$

$$i = \frac{i_\sigma + i_\phi}{2} . \text{ Assumindo } i_\phi = 0 \rightarrow i = \frac{1,5 + 0}{2} = 0,75 \rightarrow \Delta G = 0,75 \times 0,30 \times 384,3 = 86,45g$$

**2. Seleção Entre Famílias**

$$\Delta G_f = \Delta_f \cdot \Delta G$$

$$\Delta_f = \frac{1+(n-1) a_{ii'}}{\sqrt{n[1+(n-1)t]}} = \frac{1+(6-1) \times 0,5}{\sqrt{6[1+(6-1) \times 0,36]}} = 0,85 \rightarrow \Delta G_f = 0,85 \times 86,45 = 73,5g$$

**3. Seleção Dentro de Famílias**

$$\Delta G_w = \Delta_w \cdot \Delta G$$

$$\Delta_w = \sqrt{\frac{n-1}{n(1-t)}} (1-a_{ii'}) = \sqrt{\frac{6-1}{6(1-0,36)}} (1-0,5) = 0,57 \rightarrow \Delta G_w = 0,57 \times 86,45 = 49,3g$$

*Machos Selecionados - De Acordo com o Método*

1. Indivíduos Selecionados Com base no Valor Fenotípico Individual

D <sub>2</sub>	2.600
D <sub>5</sub>	2.400
C <sub>2</sub>	2.350
C <sub>6</sub>	2.300
F <sub>5</sub>	2.300
Dúvida	
B <sub>2</sub>	2.250
D <sub>6</sub>	2.250
F <sub>3</sub>	2.250
F <sub>6</sub>	2.250

## 2. Indivíduos Selecionados Com Base nas Médias das Famílias

D <sub>1</sub>	1.800
D <sub>2</sub>	2.600
D <sub>3</sub>	2.200
D <sub>4</sub>	1.950
D <sub>5</sub>	2.400
D <sub>6</sub>	2.250

## 3. Indivíduos Selecionados Com base nos Desvios Dentro de Famílias

A <sub>3</sub>	2.000
B <sub>2</sub>	2.250
C <sub>2</sub>	2.250
D <sub>2</sub>	2.600
E <sub>3</sub>	1.650
F <sub>5</sub>	2.300

### Comparação dos Resultados

A seleção entre famílias resultou em maior ganho genético do que a seleção dentro de famílias. No peso na 10ª semana, os coelhos já não sofrem mais a influência da produção de leite da mãe, como acontecia no peso à desmama. A correlação intra-classe (0,36) foi menor do que a covariância genética (0,50), indicando não haver grande influência do ambiente comum nas diferenças entre as médias das famílias. Neste caso, as famílias com média alta estariam representando indivíduos de elevado mérito genético e famílias com média baixa, indivíduos de menor mérito genético. Portanto, selecionar a família de maior média implica em selecionar indivíduos de elevado mérito genético. Todavia, a seleção fenotípica individual proporciona o maior ganho genético entre os três métodos e, por isto deve ser usada, sempre que possível. Lembrar que para algumas características ela não é possível.

*Considerando o exemplo trabalhado, se a correlação intra-classe ( $t$ ) fosse muito baixa (por exemplo,  $t = 0,10$ ), a seleção entre famílias seria vantajosa em relação à seleção fenotípica individual. Isto, no entanto, é muito difícil de ocorrer na prática.*

$$\Delta G_f = \Delta_f \cdot \Delta G$$

$$\Delta_f = \frac{1+(n-1) a_{ii'}}{\sqrt{n[1+(n-1)t]}} = \frac{1+(6-1) \times 0,5}{\sqrt{6[1+(6-1) \times 0,10]}} = 1,166667 \rightarrow$$

$$\Delta G_f = 1,166667 \times 86,45 = 100,9 \text{ g}$$

Se a correlação intra-classe( $t$ ) fosse muito alta (por exemplo,  $t = 0,90$ ), a seleção dentro de famílias seria vantajosa em relação à seleção fenotípica individual. Mas, isto também é difícil de ocorrer na prática.

$$\Delta G_w = \Delta_w \cdot \Delta G$$

$$\Delta_w = \sqrt{\frac{n-1}{n(1-t)}} (1 - a_{ii'}) = \sqrt{\frac{6-1}{6(1-0,90)}} (1 - 0,5) = 1,44$$

$$\Delta G_w = 1,44 \times 86,45 = 124,5 \text{ g}$$

### Seleção Combinada

#### Estabelecimento do Índice

$$I = P + \left[ \frac{a_{ii'} - t}{1 - a_{ii'}} \times \frac{n}{1 + (n-1)t} \right] P_f$$

$$a_{ij} = 0,5 \text{ (irmãos completos)} \quad e \quad t = 0,36$$

$$I = P + \left[ \frac{0,5 - 0,36}{1 - 0,5} \times \frac{6}{1 + 5(0,36)} \right] P_f = P + \left[ \frac{0,14}{0,5} \times \frac{6}{2,8} \right] P_f = P + \left[ \frac{0,8}{1,4} \right] P_f \rightarrow$$

$$I = P + 0,57 \times P_f$$

#### Peso dos Coelhoos na 10ª Semana e Desvios das Médias Familiares

Coelho	Famílias de Irmãos Completos					
	A	B	C	D	E	F
1	1.950	2.050	2.100	1.800	1.550	1.380
2	1.900	<u>2.250</u>	<b>2.350</b>	<b>2.600</b>	1.750	950
3	2.000	2.100	1.980	2.200	1.650	1.400
4	1.750	1.800	2.000	1.950	1.550	<u>2.250</u>
5	1.900	2.200	1.950	<b>2.400</b>	1.350	<b>2.300</b>
6	1.600	1.800	<b>2.300</b>	<u>2.250</u>	1.100	<u>2.250</u>
Desvio	-57,2	126,1	206,1	292,8	-415,5	-152,2

<i><b>Índice</b></i>		
<b><math>I = P + 0,57 \times P_f</math></b>		
<i><b>Cálculo</b></i>		
<i>Coelhos da Família A</i>		
$A_1 = 1.950 + 0,57(-57,2) = 1.917,4$	$A_2 = 1.900 + 0,57(-57,2) = 1.867,4$	$A_3 = 2.000 + 0,57(-57,2) = 1.967,4$
$A_4 = 1.750 + 0,57(-57,2) = 1.717,4$	$A_5 = 1.900 + 0,57(-57,2) = 1.867,4$	$A_6 = 1.600 + 0,57(-57,2) = 1.567,4$
<i>Coelhos da Família B</i>		
$B_1 = 2.050 + 0,57(126,1) = 2.121,9$	$B_2 = 2.250 + 0,57(126,1) = 2.321,9$	$B_3 = 2.100 + 0,57(126,1) = 2.171,9$
$B_4 = 1.800 + 0,57(126,1) = 1.871,9$	$B_5 = 2.200 + 0,57(126,1) = 2.271,9$	$B_6 = 1.800 + 0,57(126,1) = 1.871,9$
<i>Coelhos da Família C</i>		
$C_1 = 2.100 + 0,57(206,1) = 2.117,5$	$C_2 = 2.350 + 0,57(206,1) = 2.467,5$	$C_3 = 1.980 + 0,57(206,1) = 2.097,5$
$C_4 = 2.000 + 0,57(206,1) = 2.117,5$	$C_5 = 1.950 + 0,57(206,1) = 2.067,5$	$C_6 = 2.300 + 0,57(206,1) = 2.417,5$
<i>Coelhos da Família D</i>		
$D_1 = 1.800 + 0,57(292,8) = 1.966,9$	$D_2 = 2.600 + 0,57(292,8) = 2.766,9$	$D_3 = 2.200 + 0,57(292,8) = 2.366,9$
$D_4 = 1.950 + 0,57(292,8) = 2.116,9$	$D_5 = 2.400 + 0,57(292,8) = 2.566,9$	$D_6 = 2.250 + 0,57(292,8) = 2.416,9$
<i>Coelhos da Família E</i>		
$E_1 = 1.550 + 0,57(-410,5) = 1.316$	$E_2 = 1.750 + 0,57(-410,5) = 1.516$	$E_3 = 1.650 + 0,57(-410,5) = 1.416,0$
$E_4 = 1.550 + 0,57(-410,5) = 1.316$	$E_5 = 1.350 + 0,57(-410,5) = 1.116$	$E_6 = 1.100 + 0,57(-410,5) = 866,0$
<i>Coelhos da Família F</i>		
$F_1 = 1.380 + 0,57(-152,2) = 1.293$	$F_2 = 950 + 0,57(-152,2) = 863$	$F_3 = 1.400 + 0,57(-152,2) = 1.313,2$
$F_4 = 2.250 + 0,57(-152,2) = 2.163$	$F_5 = 2.300 + 0,57(-152,2) = 2.213$	$F_6 = 2.250 + 0,57(-152,2) = 2.163,2$

Índices dos Coelhoos - resumo

Coelho	Família					
	A	B	C	D	E	F
1	1.917,4	2.121,9	2.217,5	1.966,9	1.316,0	1.293,2
2	1.867,4	2.321,9	<b>2.467,5</b>	<b>2.766,9</b>	1.516,0	863,2
3	1.967,4	2.171,9	2.097,5	<b>2.366,9</b>	1.416,0	1.313,2
4	1.717,4	1.871,9	2.117,5	2.116,9	1.316,0	2.163,2
5	1.867,4	2.271,9	2.067,5	<b>2.566,9</b>	1.116,0	2.213,2
6	1.567,4	1.871,9	<b>2.417,5</b>	<b>2.416,9</b>	866,0	2.163,2

Machos Selecionados				
Ordem	Animal	Índice	Peso	
1	D <sub>2</sub>	2.766,9	2.600	
2	D <sub>5</sub>	2.566,9	2.400	
3	C <sub>2</sub>	2.467,5	2.300	
4	C <sub>6</sub>	2.417,5	2.300	
5	D <sub>6</sub>	2.416,5	<u>2.250</u>	
6	D <sub>3</sub>	2.366,5	<b>2.200</b>	
-	B <sub>2</sub>	2.321,9	2.250	
-	F <sub>5</sub>	2.213,5	<b>2.300</b>	
-	F <sub>4</sub>	2.163,2	2.250	
-	F <sub>6</sub>	2.163,2	2.250	

Observar que quatro entre os indivíduos selecionados com base no índice (seleção combinada) teriam sido selecionados pelo valor fenotípico individual (D<sub>2</sub>, D<sub>5</sub>, C<sub>2</sub> e C<sub>6</sub>). O macho F<sub>5</sub>, no entanto, teria sido escolhido na seleção fenotípica individual, mas foi substituído pelo D<sub>3</sub>, na seleção combinada. Isto ocorreu porque o F<sub>5</sub> está em uma família de média baixa e o D<sub>3</sub> em uma família de média alta. Como não há grande influência do ambiente comum nas diferenças entre as médias, a família de média alta recebe mais peso na seleção combinada. Da mesma forma, dos quatro indivíduos que eram dúvida na seleção fenotípica individual, todos com 2.250 g (B<sub>2</sub>, D<sub>6</sub>, F<sub>4</sub> e F<sub>6</sub>), a seleção combinada levou à opção pelo D<sub>6</sub>, por que este se encontra em uma família de média mais alta do que os outros três.

## Seleção Combinada x Seleção Fenotípica Individual

### Resposta à Seleção

#### 1. Seleção Fenotípica Individual

$$\Delta G = ih^2\sigma_p \rightarrow \Delta G = 0,75 \times 0,3 \times 384,3 = 86,45g$$

---

#### 2. Seleção Combinada

$$\Delta G_C = \Delta_C \cdot \Delta G$$

$$\Delta G = 86,45$$

$$\Delta_C = \sqrt{1 + \frac{(a_{ii'} - t)^2}{1-t} \times \frac{n-1}{1+(n-1)t}} \rightarrow \Delta_C = \sqrt{1 + \frac{(0,5-0,36)^2}{1-0,36} \times \frac{6-1}{1+(6-1) \times 0,36}} = 1,03$$

$$\Delta G_C = 1,03 \times 86,45 = 89,0g$$

A seleção combinada sempre resulta em maior ganho genético. Se a característica pode ser medida no indivíduo e nos irmãos, este é o procedimento a ser utilizado em comparação com a seleção entre ou dentro de famílias.

Comparando-se, no entanto, a seleção combinada com a seleção individual, observa-se que o ganho relativo foi muito pequeno. Para valores baixos de correlação intra-classe (por exemplo,  $t = 0,10$ ) a resposta da seleção combinada aumenta, enquanto que para valores altos (por exemplo,  $t = 0,90$ ), essa resposta diminui. Lembrar que ocorreu a mesma coisa para peso à desmama. Em determinadas situações em que não haja custo adicional, esse pequeno ganho relativo pode valer a pena. Se a seleção combinada envolver custos adicionais, pode não compensar.

## Execícios Propostos

1. Suponha que você tenha 10 leitegadas de suínos (10 famílias). Você estimou os parâmetros genéticos na população (herdabilidade e repetibilidade) e concluiu que as diferenças entre as médias das leitegadas são principalmente devidas às diferenças de produção de leite das matrizes, pois  $h^2$  é baixa (0,15) e  $r$  é mais alta (0,40). Neste caso seria melhor:

- selecionar a família com maior média, independente dos valores dos indivíduos nas famílias
- selecionar com base nos valores fenotípicos individuais (independente da família).
- selecionar o melhor indivíduo de cada família
- usar a seleção combinada, ponderando adequadamente as informações dos indivíduos e a média de sua família.
- Considerando-se que  $h^2$  é baixa, pegar os indivíduos ao acaso, porque a seleção não seria efetiva, não traria vantagem alguma
- Os animais não podem ser selecionados, pois  $h^2$  é baixa.

2. Considerando-se famílias de meio-irmãos, estabeleça um índice familiar combinado e o valor final para cada animal, considerando as famílias e indivíduos da tabela abaixo

Indivíduos	Família A		Família B	
	Valor	Índice	Valor	Índice
1	13		11	
2	10		9	
3	9		6	
4	7		6	
5	11		8	
Média Familiar		-		-
Média Geral				



## Seleção com Base na Média de Um Grupo de Parentes

### Desenvolvimento Matemático da Equação de Predição

Como visto anteriormente (Página 17), para a seleção baseada no desempenho fenotípico do próprio animal avaliado,

$$VG = h^2(P_i - \mu)$$

Em que,

$VG$  = Valor genético predito (esperado ou estimado)

$$h^2 = b_{AP} = \frac{COV [A_\alpha, P(X)]}{V [P(X)]} \quad (\text{sendo } h^2 = \text{herdabilidade da característica})$$

$(p_i - \mu)$  = desempenho do animal na característica

### Seleção Baseada na Média de $n$ Parentes

$$VG = h_{(\bar{X})}^2 (\bar{P}_i - \mu)$$

Em que,

$h_{(\bar{X})}^2$  = herdabilidade da média do grupo de parentes ( $n$  parentes)

$(\bar{P}_i - \mu)$  = média de desempenho do grupo de parentes

$$h_{(\bar{X})}^2 = \frac{COV [A_\alpha, P(\bar{X})]}{V [P(\bar{X})]}$$

### Covariância

$$COV [A_\alpha, P(\bar{X})] = COV \left[ A_\alpha, \frac{X_1 + X_2 + \dots + X_n}{n} \right] = \frac{1}{n} n COV [A_\alpha, X_i] = COV [A_\alpha, X_i] = a_{i\alpha} \sigma_A^2 = a_{i\alpha} h^2 \sigma_P^2$$

$a_{i\alpha}$  = covariância genética entre o indivíduo avaliado ( $\alpha$ ) e o grupo de parentes ( $i$ )

### Variância da Média de um Grupo de $n$ Parentes ( $V [P(\bar{X})]$ )

Média de um grupo de  $n$  parentes =  $\bar{X}$

$$V [P(\bar{X})] = Var \left[ \frac{X_1 + X_2 + \dots + X_n}{n} \right] = \frac{1}{n^2} Var (X_1 + X_2 + \dots + X_n) \rightarrow$$

$$V [P(\bar{X})] = \frac{1}{n^2} [n var(X_i) + n(n-1) cov(X_i, X_i)] = \frac{1}{n} var(X_i) + \frac{1}{n} (n-1) cov(X_i, X_i)$$

**Variância da Média de um Grupo de n Parentes (continuação)**

$$V [P(\bar{X})] = \frac{1}{n} \text{var}(X_i) + \frac{1}{n} (n-1) \text{cov}(X_i, X_{i'})$$

$[X_i$  e  $X_{i'}$  são observações do grupo de parentes (membros da fonte), quer dizer,  $X_i$  é um membro da fonte (i) e  $X_{i'}$  é outro membro da mesma fonte (i)]

$$\text{Var}(X_i) = \sigma_p^2 \text{ [variância fenotípica da fonte i]}$$

$$\text{Cov}(X_i, X_{i'}) = a_{ii'} \sigma_A^2 = a_{ii'} h^2 \sigma_p^2$$

$a_{ii'}$  = covariância genética (parentesco de wright) entre os membros da fonte

$$V [P(\bar{X})] = \frac{1}{n} \sigma_p^2 + \frac{1}{n} [(n-1) a_{ii'} h^2 \sigma_p^2] = \frac{\sigma_p^2 + (n-1) a_{ii'} h^2 \sigma_p^2}{n} = \frac{1 + (n-1) a_{ii'} h^2}{n} \sigma_p^2$$

**Herdabilidade da Média de n Parentes**

$$\text{COV} [A_\alpha, P(\bar{X})] = a_{i\alpha} h^2 \sigma_p^2 \quad e \quad V [P(\bar{X})] = \frac{1 + (n-1) a_{ii'} h^2}{n} \sigma_p^2 \quad \rightarrow$$

$$h^2_{(\bar{X})} = \frac{\text{COV}[A_\alpha, P(\bar{X})]}{V[P(\bar{X})]} = \frac{a_{i\alpha} h^2 \sigma_p^2}{\frac{1 + (n-1) a_{ii'} h^2}{n} \sigma_p^2} = \frac{a_{i\alpha} h^2}{\frac{1 + (n-1) a_{ii'} h^2}{n}} = \frac{a_{i\alpha} n h^2}{1 + (n-1) a_{ii'} h^2}$$

**Equação de Predição com Base na Média de n Parentes**

$$VG = h^2_{(\bar{X})} (\bar{P}_i - \mu) \quad \rightarrow \quad VG = \frac{a_{i\alpha} n h^2}{1 + (n-1) a_{ii'} h^2} (\bar{P}_i - \mu)$$

$VG$  = Valor genético predito

$a_{i\alpha}$  = covariância genética (parentesco wright) entre os membros da fonte (i) e o animal avaliado ( $\alpha$ )

$n$  = número de animais da fonte (grupo de parentes)

$h^2$  = herdabilidade da característica

$a_{ii'}$  = covariância genética (parentesco de wright) entre os membros da fonte

$(\bar{P}_i - \mu)$  = média de desempenho do grupo de animais da fonte de informação

*Esta equação geral pode ser usada para predição genética baseada em qualquer fonte de informação sem medidas repetidas, inclusive seleção fenotípica individual.*

***Equação de Predição do Valor Genético e Coeficiente de Regressão (b)***

$$VG = \frac{a_{ia} nh^2}{1 + (n-1) a_{ii'} h^2} (\bar{P}_i - \mu) \rightarrow b = \frac{a_{ia} nh^2}{1 + (n-1) a_{ii'} h^2}$$

***Acurácia***

*Como demonstrado anteriormente,*

$$Acurácia = r_{AA} = \sqrt{b \times a_{ia}} = \sqrt{\frac{a_{ia} nh^2}{1 + (n-1) a_{ii'} h^2} \times a_{ia}}$$

***Desenvolvimento da Equação da Resposta à Seleção***

*Considerando-se a seleção com base no desempenho fenotípico individual,*

$$\Delta G = ih^2\sigma_P$$

*Se a fonte de informação for um grupo de parentes,*

$$\Delta G = i h_{(\bar{x})}^2 \sigma_{P(\bar{x})}$$

$$h_{(\bar{x})}^2 = \frac{a_{ia} nh^2}{1 + (n-1) a_{ii'} h^2}$$

$$\sigma_{P(\bar{x})}^2 = \frac{1 + (n-1) a_{ii'} h^2}{n} \sigma_P^2 \rightarrow \sigma_{P(\bar{x})} = \sqrt{\frac{1 + (n-1) a_{ii'} h^2}{n}} \sigma_P$$

***$h_{(\bar{x})}^2 \times \sigma_{P(\bar{x})}$  (Herdabilidade x Desvio- Padrão Fenotípico)***

$$h_{(\bar{x})}^2 \times \sigma_{P(\bar{x})} = \frac{a_{ia} nh^2}{1 + (n-1) a_{ii'} h^2} \cdot \sqrt{\frac{1 + (n-1) a_{ii'} h^2}{n}} \sigma_P = \frac{a_{ia} \sqrt{n} h^2}{\sqrt{1 + (n-1) a_{ii'} h^2}} \sigma_P \rightarrow$$

$$\Delta G = i \frac{a_{ia} \sqrt{n} h^2}{\sqrt{1 + (n-1) a_{ii'} h^2}} \sigma_P \text{ [Equação do Ganho Genético]}$$

**Equação do Ganho Genético**

$$\Delta G = i \frac{a_{ia} \sqrt{n} h^2}{\sqrt{1 + (n-1) a_{ii'} h^2}} \sigma_P$$


---

*Acurácia x  $\sqrt{h^2}$*

$$r_{\hat{A}A} x \sqrt{h^2} = \sqrt{\frac{a_{ia} n h^2}{1 + (n-1) a_{ii'} h^2}} x a_{ia} x \sqrt{h^2} = \frac{a_{ia} \sqrt{n} h^2}{\sqrt{1 + (n-1) a_{ii'} h^2}}$$

**Equação Final da Resposta à Seleção (Ganho Genético)**

Substituindo, na equação de  $\Delta G$ ,  $\frac{a_{ia} \sqrt{n} h^2}{\sqrt{1 + (n-1) a_{ii'} h^2}}$  por  $r_{\hat{A}A} x \sqrt{h^2}$

Tem-se

$$\Delta G = i r_{\hat{A}A} \sqrt{h^2} \sigma_P \quad [\text{Equação geral do ganho genético ou resposta à seleção}]$$

Em que,

$r_{\hat{A}A}$  = acurácia da predição do mérito genético

---

*Esta equação geral já havia sido demonstrada anteriormente. Ela pode ser usada para o cálculo do ganho genético esperado (resposta à seleção) para qualquer fonte de informação. Basta, para isto, calcular previamente o valor da acurácia ( $r_{\hat{A}A}$ ).*

## Seleção com Base em Informações de Pedigree

É também chamada de seleção genealógica e baseia-se nos registros de produção dos ascendentes ou de parentes colaterais. Pode ser um método importante para características limitadas pelo sexo, como a produção de leite ou de ovos e também para características nas quais a obtenção dos registros de produção depende do abate dos animais, como, por exemplo, características relacionadas com avaliação de carcaça e qualidade de carne.

### Seleção Com Base na Média de $n$ Meio-Irmãos

Considerando-se a fonte de informação como sendo a média de  $n$  animais de um grupo de parentes, cada animal com uma observação (sem medidas repetidas), o valor genético (VG) é dado pela equação geral, desenvolvida na página 71, ou seja,

$$VG = \frac{a_{ia} nh^2}{1 + (n-1) a_{ii'} h^2} (\bar{P}_i - \mu)$$

Se a fonte é um grupo de  $n$  meio-irmãos,

$$a_{ia} = \frac{1}{4} \text{ (covariância entre o indivíduo avaliado e os meio-irmãos)}$$

$$a_{ii'} = \frac{1}{4} \text{ (covariância entre os meio-irmãos)}$$

Assim,

$$VG = \frac{\frac{1}{4} nh^2}{1 + (n-1) \frac{1}{4} h^2} (\bar{P}_i - \mu)$$

Multiplicando numerador e denominador por 4 a equação não se altera e,

$$VG = \frac{nh^2}{4 + (n-1)h^2} (P_i - \mu) \text{ [Equação de predição com base em meio-irmãos]}$$

### Acurácia

$$\text{Acurácia} = r_{\hat{A}A} = \sqrt{b \times a_{ia}} = \sqrt{\frac{nh^2}{4 + (n-1)h^2} \cdot \frac{1}{4}}$$

Notar, no entanto, que esta equação de predição, assim como a da acurácia, são específicas para meio-irmãos. Não é uma equação necessária. Pode-se, sempre, utilizar a equação geral, diretamente.

### Ganho Genético Esperado

Como já foi demonstrado,

$$\Delta G = i r_{\hat{A}A} \sqrt{h^2} \sigma_P$$

**Proposta de Seleção: Selecionar dois coelhos em seis, com base na média de seis meio-irmãos paternos**

Peso de Coelhos Machos na 10ª Semana de Vida							
Coelhos a Serem Avaliados							
	1	2	3	4	5	6	
Pesos dos Meio-Irmãos							
1	1.950	2.050	2.100	1.800	1.550	1.380	
2	1.900	<u>2.250</u>	<b>2.350</b>	<b>2.600</b>	1.750	950	
3	2.000	2.100	1.980	2.200	1.650	1.400	
4	1.750	1.800	2.000	1.950	1.550	<u>2.250</u>	
5	1.900	2.200	1.950	<b>2.400</b>	1.350	<b>2.300</b>	
6	1.600	1.800	<b>2.300</b>	<u>2.250</u>	1.100	<u>2.250</u>	
Média	1.850,0	2.033,3	2.113,3	2.200,0	1.491,7	1.755,0	1.907,2
Desvio	-57,2	126,1	206,1	292,8	-415,5	-152,2	-

**Predição do Mérito Genético Para os Coelhos**

Usando a Equação Geral

$$VG_{\alpha} = \frac{a_{i\alpha} nh^2}{1 + (n-1) a_{ii'} h^2} (\bar{P}_i - \mu) \rightarrow b_{\alpha} = \frac{a_{i\alpha} nh^2}{1 + (n-1) a_{ii'} h^2}$$

$$n = 6; \quad h^2 = 0,30; \quad a_{i\alpha} = \frac{1}{4} = 0,25; \quad a_{ii'} = \frac{1}{4} = 0,25$$

$$b_{\alpha} = \frac{0,25 \times 6 \times 0,30}{1 + (6-1) \times 0,25 \times 0,30} = \frac{0,450}{1,375} = 0,33 \rightarrow$$

$$VG_{\alpha} = b_{\alpha} \times (\bar{P}_i - \mu) \rightarrow VG_{\alpha} = 0,33 \times (P_i - \mu)$$

$$VG_{C1} = 0,33 \times (-57,2) = - 18,9$$

$$VG_{C2} = 0,33 \times (126,1) = + 41,6$$

$$VG_{C3} = 0,33 \times (206,1) = + 68,0$$

$$VG_{C4} = 0,33 \times (292,8) = + 96,6$$

$$VG_{C5} = 0,33 \times (-415,5) = -137,1$$

$$VG_{C6} = 0,33 \times (-152,2) = - 50,2$$

Neste exemplo, o valor de **b** é igual para todas as seis predições, tendo em vista que cada coelho tem o mesmo número de meio-irmãos com informação de desempenho. Cada coelho é avaliado com base em seis meio-irmãos paternos.

Se o número de meio-irmãos de cada coelho tivesse sido diferente, o valor de **b** também teria sido diferente para cada um deles.

**Acurácia**

$$Acc = \sqrt{b_{\alpha} \times a_{i\alpha}} = \sqrt{0,33 \times 0,25} = 0,29$$

Classificação dos Coelhoos			
Classificação	Animal	Valor Genético	Acurácia
1	C4	96,6*	0,29
2	C3	68,0*	0,29
3	C2	41,6	0,29
4	C1	-18,9	0,29
5	C6	-50,2	0,29
6	C5	-137,1	0,29

\* Machos selecionados

### Resposta à Seleção

#### *Equação da Resposta à Seleção*

$$\Delta G = i r_{AA} \sqrt{h^2} \sigma_P$$

#### *Intensidade Seletiva (i)*

$$p = \frac{2}{6} = 0,33 \rightarrow i_{\sigma} = 1,10$$

$$\text{Assumindo } i_{\varphi} = 0, \quad i = \frac{1,15 + 0}{2} = 0,55$$

#### *Parâmetros da População*

$$i = 0,55; \quad r_{AA} = \text{Acurácia} = 0,29; \quad h^2 = 0,30; \quad \sigma_P = 384g$$

#### *Ganho Genético esperado*

$$\Delta G = 0,55 \times 0,29 \times \sqrt{0,30} \times 384g = 33,6g$$

**Princípio do Teste de Progenie**

---

$$1^{\circ} \text{ FILHO} = \frac{\text{pai}}{2} + \frac{1^{\circ} \text{mãe}}{2} \pm 1^{\circ} \text{ erro mendeliano} \pm 1^{\circ} \text{ erro de avaliação}$$

$$2^{\circ} \text{ FILHO} = \frac{\text{pai}}{2} + \frac{2^{\circ} \text{ mãe}}{2} \pm 2^{\circ} \text{ erro mendeliano} \pm 2^{\circ} \text{ erro de avaliação}$$

$$n^{\text{ésimo}} \text{ FILHO} = \frac{\text{pai}}{2} + \frac{n^{\text{ésima}} \text{ mãe}}{2} \pm n^{\text{ésimo}} \text{ erro mendeliano} \pm n^{\text{ésimo}} \text{ erro de avaliação}$$

$$\text{Média dos Filhos} = \frac{\text{pai}}{2} + \frac{1}{2} \frac{\sum \text{mães}}{n} \pm \frac{\sum \text{erros mendelianos}}{n} \pm \frac{\sum \text{erros de avaliação}}{n}$$

Assumindo que o pai seja acasalado com fêmeas tomadas aleatoriamente

$$\frac{\sum \text{mães}}{n} = 0; \quad \frac{\sum \text{erros mendelianos}}{n} = 0; \quad \frac{\sum \text{erros de avaliação}}{n} = 0 \quad \rightarrow$$

$$\text{Média dos Filhos} = \frac{\text{pai}}{2} \quad \rightarrow \text{Pai} = 2 \times \text{Desempenho Médio dos Filhos}$$

**Diferença Esperada de Progenie (DEP)**

Valor Genético Estimado do Pai (VG) = 2 x (Desempenho dos Filhos)

$$\text{Desempenho Médio dos Filhos} = \frac{\sum_i^n (x_i - \bar{x})}{n}$$

$x_i$  = produção do  $i^{\text{ésimo}}$  filho

$\bar{x}$  = média do grupo contemporâneo

$n$  = número de filhos do indivíduo em teste

$$VG_{\text{Pai}} = 2 \times \frac{\sum_i^n (x_i - \bar{x})}{n}$$

$$DEP_{\text{Pai}} = \frac{1}{2} VG = \frac{\sum_i^n (x_i - \bar{x})}{n}$$



## Seleção Com Base na Progênie - Predição do Valor Genético

### *Seleção Com Base na Média de n Progênies*

Considerando-se a fonte de informação como sendo a média de  $n$  animais de um grupo de parentes, cada animal com uma observação (sem medidas repetidas), o valor genético (VG) é dado pela equação

$$VG = \frac{a_{ia} nh^2}{1 + (n-1) a_{ii'} h^2} (\bar{P}_i - \mu)$$

Mas, neste caso, em que a fonte é um grupo de progênie,

$$a_{ia} = \frac{1}{2} \quad [\text{covariância entre o animal avaliado (pai) e os filhos}]$$

$$a_{ii'} = \frac{1}{4} \quad [\text{os membros da fonte são meio-irmãos}]$$

Assim,

$$VG = \frac{\frac{1}{2} nh^2}{1 + (n-1) \frac{1}{4} h^2} (\bar{P}_i - \mu)$$

Multiplicando numerador e denominador por 4 a equação não se altera e,

$$VG = \frac{2nh^2}{4 + (n-1)h^2} (\bar{P}_i - \mu) \quad [\text{Equação de predição com base na progênie}]$$

### *Acurácia*

$$\text{Acurácia} = r_{AA} = \sqrt{b \times a_{ia}} = \sqrt{\frac{2nh^2}{4 + (n-1)h^2} \times \frac{1}{2}}$$

### *Ganho Genético Esperado*

$$\Delta G = i r_{AA} \sqrt{h^2} \sigma_P$$

Notar, no entanto, que esta equação de predição, assim como a da acurácia, são específicas para predição com base na progênie. Não é uma equação necessária. Pode-se, sempre, utilizar a equação geral.

**Proposta de Seleção: Selecionar dois coelhos machos em seis, com base na média de 10 progênes**

Peso da Progênie dos Seis Coelhos

GC <sup>a</sup>	Coelhos Avaliados						Geral
	1	2	3	4	5	6	
	Peso da Respectiva Progênie						
1	1.700	1.500	1.400	2.250	2.200	1.250	GC1
	2.500	1.800	2.000	2.350	2.150	1.600	
	1.800	1.850	1.050	1.000	1.850	2.500	
	1.950	2.800	900	1.700	1.100	1.050	
	2.450	2.000	1.200	2.450	2.250	2.050	
Média	2.080	1.990	1.310	1.950	1.910	1.690	1.821,7
Desvio	258,3	168,3	-511,7	128,3	88,3	-131,3	-
2	1.250	2.400	2.100	1.300	2.100	2.100	GC2
	1.200	2.400	2.150	2.300	1.950	1.000	
	1.650	1.050	2.000	1.350	1.400	1.450	
	2.250	2.200	1.650	2.100	1.450	2.000	
	1.900	1.200	2.700	900	2.550	1.800	
Média	1.650	1.850	2.120	1.590	1.890	1.670	1.795,0
Desvio <sup>b</sup>	-145,0	55,0	325,0	-205,0	95,0	-125,0	-
Desvio_m <sup>c</sup>	56,6	111,6	-93,4	<b>-38,4</b>	91,6	-128,2	-

<sup>a</sup> GC = Grupo Contemporâneo

<sup>b</sup> Desvio = Desempenho do animal no GC

<sup>c</sup> Desvio\_m = Média dos desempenhos

Desempenho da Progênie*		
Classificação	Animal	Desempenho
1	C <sub>2</sub>	111,6
2	C <sub>5</sub>	91,6
3	C <sub>1</sub>	56,6
4	C <sub>4</sub>	-38,4
5	C <sub>3</sub>	-93,4
6	C <sub>6</sub>	-128,2

\* Média de desempenho da progênie de cada coelho

**Predição do Mérito Genético Para os Coelhos**

Usando a Equação Geral

$$VG_{\alpha} = \frac{a_{i\alpha} nh^2}{1 + (n-1) a_{ii'} h^2} (\bar{P}_i - \mu) \rightarrow b_{\alpha} = \frac{a_{i\alpha} nh^2}{1 + (n-1) a_{ii'} h^2}$$

$$n = 10; \quad h^2 = 0,30; \quad a_{i\alpha} = \frac{1}{2} = 0,50; \quad a_{ii'} = \frac{1}{4} = 0,25$$

$$b_{\alpha} = \frac{0,50 \times 10 \times 0,30}{1 + (10-1) \times 0,25 \times 0,30} = \frac{1,500}{1,675} = 0,90 \rightarrow$$

$$VG_{\alpha} = 0,90 \times (P_i - \mu)$$

$$VG_{C1} = 0,90 \times (56,0) = + 50,4$$

$$VG_{C2} = 0,90 \times (111,6) = + 100,4$$

$$VG_{C3} = 0,90 \times (-93,4) = - 84,1$$

$$VG_{C4} = 0,90 \times (-38,4) = - 34,6$$

$$VG_{C5} = 0,90 \times (91,6) = + 82,4$$

$$VG_{C6} = 0,90 \times (-128,2) = - 115,4$$

O valor de *b* é igual para todas as predições tendo em vista que cada coelho tem o mesmo número de progênies com informação de desempenho. Cada coelho é avaliado com base em 10 progênies.

**Acurácia**

$$ACC = \sqrt{b_{\alpha} \times \frac{1}{2}} = \sqrt{0,90 \times 0,50} = 0,67$$

Classificação dos Coelhos de Acordo com o Valor Genético

Classificação	Aanimal	Valor Genético	Acurácia
1	C <sub>2</sub>	100,4*	0,67
2	C <sub>5</sub>	82,4*	0,67
3	C <sub>1</sub>	50,4	0,67
4	C <sub>4</sub>	-34,4	0,67
5	C <sub>3</sub>	-84,1	0,67
6	C <sub>6</sub>	-115,4	0,67

\* Machos selecionados

Notar que a classificação pelo valor genético foi a mesma observada para os desempenhos. Isto se deve ao fato de o número de progênies ser o mesmo para todos os machos, tornando o fator de ponderação (**b**) igual para

todos os candidatos. O valor genético passa a ser uma simples proporção dos desempenhos. Se o número de progênie não tivesse sido o mesmo, a classificação poderia ter sido diferente.

**Resposta à Seleção**

**Equação da Resposta à Seleção**

$$\Delta G = i r_{AA} \sqrt{h^2} \sigma_P$$

---

**Intensidade Seletiva (i)**

$$p = \frac{2}{6} = 0,33 \rightarrow i_{\sigma} = 1,15$$

$$\text{Assumindo } i_{\varphi} = 0, \quad i = \frac{1,15 + 0}{2} = 0,575$$

---

**Parâmetros da População**

$$i = 0,55; \quad r_{AA} = \text{Acurácia} = 0,67; \quad h^2 = 0,30; \quad \sigma_P = 384g$$

---

**Ganho Genético esperado**

$$\Delta G = 0,575 \times 0,67 \times \sqrt{0,30} \times 384g = 81,05g$$

## Seleção com Base em Informações de $p$ Medidas de $n$ Parentes

Desenvolvimento Matemático da Equação Geral de Predição Com Medidas Repetidas

### Seleção Baseada no Valor Fenotípico Individual

Como já foi demonstrado anteriormente, se a seleção for baseada no desempenho fenotípico do próprio animal avaliado,

$$VG = h^2(P_i - \mu)$$

Em que,

$VG$  = Valor genético esperado

$$h^2 = \text{herdabilidade da característica}; \quad h^2 = b_{AP} = \frac{COV [A, P(X)]}{V [P(X)]}$$

$(p_i - \mu)$  = desempenho do animal na característica

---

### Seleção Baseada na Média de $n$ Parentes

Considerando-se a fonte de informação como sendo a média de  $n$  animais de um grupo de parentes, o valor genético ( $VG$ ) é dado por:  $VG = h^2_{(\bar{X})} (\bar{P}_i - \mu)$

Em que,

$$h^2_{(\bar{X})} = \text{herdabilidade da média do grupo de parentes (n parentes)}; \quad h^2_{(\bar{X})} = \frac{COV [A, P(\bar{X})]}{V [P(\bar{X})]}$$

$(\bar{P}_i - \mu)$  = média de desempenho do grupo de parentes

$$\bar{X} = \frac{\sum X_i}{n} = \frac{X_1 + X_2 + \dots + X_n}{n} \quad [\text{Média de um grupo de indivíduos}]$$

---

### Seleção Baseada na Média de $p$ Medidas de $n$ Parentes

Considerando-se, agora, as medidas repetidas de cada animal, tem-se:

$$\bar{X} = \frac{\sum \bar{X}_i}{n} = \frac{\bar{X}_1 + \bar{X}_2 + \dots + \bar{X}_n}{n}$$

$$\bar{X}_i = \frac{\sum X_{ij}}{n} = \frac{X_{i1} + X_{i2} + \dots + X_{ip}}{p}$$

$X_{ij}$  =  $j$ ésima medida (informação) do  $i$ ésimo animal

**Covariância**

$$COV [A , P(\bar{X})] = COV \left[ A , \frac{\bar{X}_1 + \bar{X}_2 + \dots + \bar{X}_n}{n} \right] = \frac{1}{n} n COV [A , \bar{X}_i] = COV [A , \bar{X}_i] = a_{ia} \sigma_A^2 = a_{ia} h^2 \sigma_P^2$$

$a_{ia}$  = covariância genética entre o indivíduo avaliado(a) e o grupo de parentes(i)

$h^2$  = herdabilidade da característica;  $\sigma_P^2$  = variância fenotípica da característica

**Variância da Média**

$$\sigma_{P(\bar{X})}^2 = V [P(\bar{X})] = Var \left[ \frac{\bar{X}_1 + \bar{X}_2 + \dots + \bar{X}_n}{n} \right] = \frac{1}{n^2} Var (\bar{X}_1 + \bar{X}_2 + \dots + \bar{X}_n) \rightarrow$$

$$\sigma_{P(\bar{X})}^2 = \frac{1}{n^2} [n Var(\bar{X}_i) + n(n-1)Cov(\bar{X}_i , \bar{X}_i)] = \frac{1}{n} Var(\bar{X}_i) + \frac{1}{n} (n-1)Cov(\bar{X}_i , \bar{X}_i)$$

$(\bar{X}_i)$  = média de p medidas do i<sup>ésimo</sup> animal do grupo de parentes (fonte)

$Cov(\bar{X}_i , \bar{X}_i)$  = covariância entre as médias dos membros da fonte de informação

$$Var(\bar{X}_i) = \frac{1 + (p - 1)r}{p} \sigma_P^2 ; \quad Cov(\bar{X}_i , \bar{X}_i) = a_{ii'} \sigma_A^2 = a_{ii'} h^2 \sigma_P^2 \text{ (já demonstrado anteriormente)}$$

$$\sigma_{P(\bar{X})}^2 = \frac{1}{n} Var(\bar{X}_i) + \frac{1}{n} (n-1)Cov(\bar{X}_i , \bar{X}_i) = \frac{1}{n} \frac{1 + (p - 1)r}{p} \sigma_P^2 + \frac{1}{n} (n-1)a_{ii'} h^2 \sigma_P^2 \rightarrow$$

$$\sigma_{P(\bar{X})}^2 = \frac{\frac{1 + (p - 1)r}{p} \sigma_P^2 + (n-1) a_{ii'} h^2 \sigma_P^2}{n} = \frac{1 + (p - 1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2 \sigma_P^2$$

**Herdabilidade da Média**

$$h_{(\bar{X})}^2 = \frac{COV[A , P(\bar{X})]}{V[P(\bar{X})]} = \frac{a_{ia} h^2 \sigma_P^2}{\frac{1 + (p - 1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2 \sigma_P^2} = \frac{a_{ia} h^2}{\frac{1 + (p - 1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2} \rightarrow$$

$$h_{(\bar{X})}^2 = \frac{a_{ia} n h^2}{1 + (p - 1)r + (n-1) a_{ii'} h^2} \text{ (Equação 16)}$$

**Equação de Predição do Valor Genético**

Considerando-se a fonte de informação como sendo a média de  $n$  animais de um grupo de parentes, cada animal com  $p$  observações (medidas repetidas), o valor genético (VG) é dado pela equação:

$$VG = h^2_{(\bar{x})} (\bar{P}_i - \mu)$$

Mas,

$$h^2_{(\bar{x})} = \frac{a_{ia} n h^2}{\frac{1 + (p - 1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2}$$

$$VG = \frac{a_{ia} n h^2}{\frac{1 + (p - 1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2} (\bar{P}_i - \mu) \text{ [Equação geral de predição com medidas repetidas]}$$

Sendo:

VG = Valor genético predito

$a_{ia}$  = covariância genética entre a os membros da fonte(i) e o animal avaliado(a)

$n$  = número de animais da fonte de informação (grupo de parentes)

$h^2$  = herdabilidade da característica

$p$  = número de medidas tomadas em cada animal da fonte de informação

$r$  = repetibilidade da característica

$a_{ii'}$  = covariância genética (parentesco de wright) entre os membros da fonte

$(\bar{P}_i - \mu)$  = média de desempenho do grupo de animais da fonte de informação

**Acurácia**

$$\text{Acurácia} = r_{\hat{A}A} = \sqrt{b \times a_{ia}}$$

$$b = \frac{a_{ia} n h^2}{\frac{1 + (p - 1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2} \rightarrow r_{\hat{A}A} = \sqrt{\frac{a_{ia} n h^2}{\frac{1 + (p - 1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2} \times a_{ia}} \text{ (Equação 17)}$$

**Observação:**

As equações de predição e da acurácia são gerais. Podem ser usadas para predição genética baseada em qualquer fonte de informação, inclusive para predição baseada no valor fenotípico individual. Basta saber interpretar cada um dos seus fatores.

**Herdabilidade x Desvio-padrão Fenotípico**

$$\Delta G = i h_{(\bar{x})}^2 \sigma_{P(\bar{x})}$$

$$\sigma_{P(\bar{x})}^2 = \frac{\frac{1 + (p - 1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2}{n} \sigma_P^2 \rightarrow \sigma_{P(\bar{x})} = \sqrt{\frac{\frac{1 + (p - 1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2}{n}} \sigma_P$$

$$h_{(\bar{x})}^2 = \frac{a_{ia} n h^2}{\frac{1 + (p - 1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2}$$

$$h_{(\bar{x})}^2 \times \sigma_{P(\bar{x})}$$

$$h_{(\bar{x})}^2 \times \sigma_{P(\bar{x})} = \frac{a_{ia} n h^2}{\frac{1 + (p - 1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2} \times \sqrt{\frac{\frac{1 + (p - 1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2}{n}} \sigma_P \rightarrow$$

$$h_{(\bar{x})}^2 \times \sigma_{P(\bar{x})} = \frac{a_{ia} \sqrt{n} h^2}{\sqrt{\frac{1 + (p - 1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2}} \sigma_P \rightarrow \Delta G = i \frac{a_{ia} \sqrt{n} h^2}{\sqrt{\frac{1 + (p - 1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2}} \sigma_P \text{ [Eq 18]}$$

**Acurácia x  $\sqrt{h^2}$**

$$r_{\hat{A}A} \times \sqrt{h^2} = \frac{\frac{a_{ia} n h^2}{\frac{1 + (p - 1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2}}{\sqrt{\frac{1 + (p - 1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2}} \times a_{ia} \times \sqrt{h^2} = \frac{a_{ia} \sqrt{n} h^2}{\sqrt{\frac{1 + (p - 1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2}}$$

**Resposta à Seleção**

$$\Delta G = i \frac{a_{ia} \sqrt{n} h^2}{\sqrt{\frac{1 + (p - 1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2}} \sigma_P \quad e \quad \frac{a_{ia} \sqrt{n} h^2}{\sqrt{\frac{1 + (p - 1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2}} = r_{\hat{A}A} \times \sqrt{h^2} \rightarrow$$

$$\Delta G = i r_{\hat{A}A} \sqrt{h^2} \sigma_P$$

Esta equação pode ser usada para o cálculo do ganho genético esperado para qualquer fonte de informação. Basta, para isto, calcular previamente o valor da acurácia ( $r_{\hat{A}A}$ ).



## *Seleção Com Base em Informações de p Medidas de n Parentes*

### Resumo das Variâncias e Covariâncias

#### ***Variâncias Fenotípicas***

##### *Variância das Médias de p Medidas de Um Mesmo Animal*

$$\sigma_{P(\bar{X}_i)}^2 = \frac{1 + (p - 1)r}{p} \sigma_P^2$$

*p* = número de medidas repetidas do animal

*r* = repetibilidade da característica

$\sigma_P^2$  = variância fenotípica da característica

---

##### *Variância das Médias de p Medidas de n Parentes*

$$\sigma_{P(\bar{X})}^2 = \frac{\frac{1 + (p - 1)r}{p} + (n-1) a_{ii'}}{n} \sigma_P^2$$

*n* = número de animais na fonte de informação

$a_{ii'}$  = covariância genética entre os membros de uma mesma fonte (*i*)

$h^2$  = herdabilidade da característica

---

#### ***Covariância Fenotípica***

##### *Covariância Entre Desempenhos Fenotípicos dos Membros de Uma Fonte de Informação*

$$\text{Cov}(\bar{X}_i, \bar{X}_{i'}) = a_{ii'} \sigma_A^2 = a_{ii'} h^2 \sigma_P^2$$

---

#### ***Covariância Genética***

##### *Covariância Entre o valor Genético do Animal e o Desempenho Fenotípico de Um Grupo de Parentes*

$$\text{COV} [A_\alpha, P(\bar{X})] = \text{COV} [A_\alpha, \bar{X}_i] = a_{i\alpha} \sigma_A^2 = a_{i\alpha} h^2 \sigma_P^2$$

$a_{i\alpha}$  = covariância genética entre o indivíduo avaliado( $\alpha$ ) e o grupo de parentes( $i$ )

## Proposta de Seleção

Selecionar Dois Reprodutores Caprinos em Seis Disponíveis

Avaliados Com Base na Média e 2 Progenies com 5 Lactações Cada

(Assumir:  $h^2 = 0,30$ ;  $r = 0,40$  e  $\sigma_p = 300$  kg)

	REPRODUTOR						GERAL
	1	2	3	4	5	6	
LACTAÇÕES	CABRAS						MÉDIA PARCIAL 1
	1	3	5	7	9	11	
	1.700	1.500	1.400	2.250	2.200	1.250	
	2.500	1.800	2.000	2.350	2.150	1.600	
	1.800	1.850	1.050	1.000	1.850	2.500	
	1.950	2.800	900	1.700	1.100	1.050	
	2.450	2.000	1.200	2.450	2.250	2.050	
MÉDIA	2.080	1.990	1.310	1.950	1.910	1.690	1.821,7
LACTAÇÕES	CABRAS						MÉDIA PARCIAL 2
	2	4	6	8	10	12	
	1.250	2.400	2.100	1.300	2.100	2.100	
	1.200	2.400	2.150	2.300	1.950	1.000	
	1.650	1.050	2.000	1.350	1.400	1.450	
	2.250	2.200	1.650	2.100	1.450	2.000	
	1.900	1.200	2.700	900	2.550	1.800	
MÉDIA	1.650	1.850	2.120	1.590	1.890	1.670	1.795
GERAL	1865	1920	1715	1770	1900	1680	1.808,4
DESEMPENHO	56,6	111,6	-93,4	-38,4	91,6	-128,2	-

### Predição dos Valores Genéticos

#### Equação de Predição

$$VG_a = \frac{a_{ia} n h^2}{1 + \frac{(p-1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2} (P_i - \mu)$$

$$b = \frac{a_{ia} n h^2}{1 + \frac{(p-1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2} = \frac{\frac{1}{2} \times 2 \times 0,30}{\frac{1 + (5-1) \times 0,40}{5} + (2-1) \times \frac{1}{4} \times 0,30} = 0,50$$

**Valores Genéticos dos Caprinos**

$$\begin{aligned}VG_1 &= 0,50 \times (56,6) = 28,3g & VG_2 &= 0,50 \times (111,6) = 55,8g \\VG_3 &= 0,50 \times (-93,4) = -46,7g & VG_4 &= 0,50 \times (-38,4) = -19,2g \\VG_5 &= 0,50 \times (91,6) = 45,8g & VG_6 &= 0,50 \times (-128,2) = -64,1g\end{aligned}$$

**Acurácia**

$$b = \frac{\frac{1}{2} \times 2 \times 0,30}{\frac{1 + (5-1) \times 0,40}{5} + (2 - 1) \times \frac{1}{4} \times 0,30} = 0,50$$

$$Acc = r_{AA} = \sqrt{b \times a_{ia}} = \sqrt{0,50 \times \frac{1}{2}} = 0,50$$

**Equação da Resposta a Seleção**

$$\Delta G = i r_{AA} \sqrt{h^2} \sigma_P$$

**Intensidade Seletiva**

$$\text{Porcentagem de machos selecionados } (p) = \frac{2}{6} = 0,33$$

$$p_s = \frac{2}{6} = 0,33 \rightarrow i_s = 1,10$$

$$\text{Assumindo } i_q = 0, \quad i = \frac{1,10 + 0}{2} = 0,55$$

**Resposta à Seleção**

$$i = 0,55 ; r_{AA} = 0,50 ; h^2 = 0,30 \text{ e } \sigma_P = 300kg$$

$$\Delta G = 0,55 \times 0,50 \times \sqrt{0,30} \times 300kg = 45,2kg$$

Se o número de registros de produção da fonte for diferente para cada animal avaliado, o valor de  $b$  será também diferente para cada animal, assim com o valor genético e a acurácia.

**Acurácia da Predição Genética de Acordo com a Herdabilidade**

			Exemplos		
Fonte	Relação de Parentesco	N	Herdabilidade		
			0,05	0,30	0,70
Indivíduo	1,00	1	0,22	0,55	0,84
Progênie	0,50	1	0,11	0,27	0,42
Meio-Irmão	0,25	1	0,06	0,14	0,21
Meio-Irmãos	0,25	1	0,06	0,14	0,21
		10	0,17	0,33	0,41
		20	0,22	0,39	0,45
		100	0,37	0,47	0,49
		1000	0,48	0,49	0,49
Progênie	0,25	1	0,11	0,27	0,42
		10	0,34	0,67	0,82
		20	0,45	0,79	0,90
		100	0,75	0,94	0,98
		1000	0,96	0,99	0,99

Algumas Equações de Predição do valor Genético

<i>Fonte</i>	<i>Coefficiente de Regressão</i>	<i>Acurácia</i>
1	$h^2$	$\sqrt{h^2}$
2	$\frac{ph^2}{1 + (p-1)r}$	$\sqrt{\frac{ph^2}{1 + (p-1)r}}$
3	$\frac{nh^2}{4 + (n-1)h^2}$	$\sqrt{\frac{\frac{1}{4}nh^2}{4 + (n-1)h^2}}$
4	$\frac{nh^2}{2 + (n-1)(h^2 + C_{FS}^2)}$	$\sqrt{\frac{\frac{1}{2}nh^2}{2 + (n-1)(h^2 + C_{FS}^2)}}$

Algumas Equações de Predição do valor Genético - Continuação

<i>Fonte</i>	<i>Coefficiente de Regressão</i>	<i>Acurácia</i>
5	$\frac{2nh^2}{4 + (n-1)h^2}$	$\sqrt{\frac{nh^2}{4 + (n-1)h^2}}$
6	$\frac{\frac{1}{2}nh^2}{\frac{1 + (p-1)r}{n} + (n-1)\frac{1}{4}h^2}$	$\sqrt{\frac{\frac{1}{4}nh^2}{\frac{1 + (p-1)r}{p} + (n-1)\frac{1}{4}h^2}}$
7	$\frac{2lkh^2}{4+(k-1)(2h^2+4C_{FS}^2)+(l-1)kh^2}$	$\sqrt{\frac{lkh^2}{4+(k-1)(2h^2+4C_{FS}^2)+(l-1)kh^2}}$
8	$\frac{pr}{1 + (p-1)r}$	$\sqrt{\frac{pr}{1 + (p-1)r}}$

Código e Especificação das Fontes

Código	Fonte
1	Desempenho do Próprio Indivíduo Avaliado
2	Média de <b>p</b> Medidas do Próprio Indivíduo
3	Média de Desempenho de <b>n</b> Meio-Imãos
4	Média de Desempenho de <b>n</b> Irmãos Completos
5	Média de Desempenho de <b>n</b> Progênies
6	Média de Desempenho de <b>p</b> Medidas de <b>n</b> Progênies
7	Média de progênies de <b>l</b> Ninhadas de Tamanho <b>k</b>
8	Capacidade Mais Provável de Produção

**Nota**

As equações específicas têm apenas importância didática. A predição do valor genético, assim como o cálculo da acurácia e da resposta à seleção, podem sempre ser obtidos pelas equações gerais.

### ***Fatores Que Alteram a Acurácia da Predição genética***

1. Covariância genética ( $a_{io}$ ) entre a fonte de informação e o indivíduo avaliado = parentesco de Wright
2. Número de animais na fonte de informação (n)
3. Herdabilidade da característica ( $h^2$ )
4. Número de observações de cada animal da fonte de informação (p)
5. Repetibilidade da característica
6. Covariância genética ( $a_{ii}$ ) entre os animais da fonte de informação = parentesco de Wright.

### ***Fatores Que Alteram a Resposta à Seleção***

1. Intensidade de Seleção (i)
2. Acurácia da predição genética ( $r_{\hat{A}A}$ )
3. Herdabilidade da característica ( $h^2$ )
4. Desvio-padrão fenotípico da característica ( $\sigma_p$ )

Lembrar que os fatores que afetam a acurácia também afetam a resposta à seleção

## Exercícios Propostos

1. Como se pode obter predição genética com alta acurácia para características de baixa herdabilidade?
2. Em termos relativos, que tipo de informação (fonte de informação) é mais útil para predição genética quando:
  - a. a herdabilidade é alta? Por quê?
  - b. a herdabilidade é baixa? Por quê?
3. Calcule a acurácia da predição genética, dada a seguinte informação:
  - a. registro único de produção do próprio indivíduo a ser avaliado e  $h^2 = 0,25$
  - b. registro único de produção do próprio indivíduo a ser avaliado e  $h^2 = 0,50$
  - c. 5 registros de produção do próprio indivíduo a ser avaliado (característica repetível, como a produção de leite, por exemplo),  $h^2 = 0,25$  e repetibilidade ( $r$ ) = 0,30.
  - d. 5 registros de produção do próprio indivíduo a ser avaliado (característica repetível, como a produção de leite, por exemplo),  $h^2 = 0,25$  e repetibilidade ( $r$ ) = 0,60.
  - e. registro único de produção de cada um de 5 meio-irmãos e  $h^2 = 0,25$
  - f. registro único de produção de cada um de 500 meio-irmãos e  $h^2 = 0,25$
  - g. registro único de produção de cada uma de 5 progênies e  $h^2 = 0,25$
  - h. registro único de produção de cada uma de 500 progênies e  $h^2 = 0,25$
  - i. 10 registros de produção de cada uma de 50 progênies, com  $h^2 = 0,25$  e  $r = 0,50$  (produção de leite, por exemplo).
  - j. Considerando-se  $h^2 = 0,25$  qual das fontes de informação é mais confiável:
    - a) uma informação do próprio indivíduo
    - b) média de 5 progênies, cada progênie com apenas uma medida?
  - k) Responda ao item anterior (j), considerando que a herdabilidade é 0,10
  - l) Responda ao item j, considerando que a herdabilidade é 0,50
  - m) Responda ao item j considerando uma herdabilidade igual a 0,80

# *Seleção Utilizando Múltiplas Fontes de Informação*

Do ponto de vista didático, foi muito importante o estudo da predição genética utilizando uma única fonte de informação. Foi mostrado, nos capítulos anteriores, o desenvolvimento da equação de predição para cada fonte de informação (desempenho individual, desempenho de parentes ancestrais e colaterais e desempenho da progênie) seja para características com uma única observação por indivíduo ou para características repetíveis como a produção de leite, por exemplo. Foi desenvolvida, ainda, uma equação geral para predição genética com base em qualquer fonte de informação, assim como para a resposta à seleção.

Na prática, entretanto, não é o que ocorre realmente. Os bancos de dados evoluíram muito e cada indivíduo a ser avaliado dispõe de informações de desempenho para várias fontes. Considerando-se a seleção de reprodutores bovinos para a característica peso à desmama, por exemplo, um touro pode ter sido pesado à desmama e, portanto, dispõe do seu desempenho fenotípico (valor fenotípico individual), mas pode ter também várias progênies, pesadas à desmama (desempenho da progênie), além de informação sobre desempenho do pai, da mãe e de irmãos. Considerando-se a produção de leite, o touro não tem desempenho fenotípico individual, pois não produz leite, mas pode ter várias filhas com controle leiteiro (desempenho da progênie) e cada filha pode ter uma ou mais de uma lactação (medidas repetidas). Assim, todas essas fontes disponíveis devem ser utilizadas simultaneamente para a predição genética.

A predição do mérito genético e, conseqüentemente, a seleção com base em mais de uma fonte de informação, pode ser feita por dois métodos:

- a. Índices de seleção
- b. BLUP - Best Linear Unbiased Prediction (melhor predição linear não viesada)

## *Índice de Seleção*

É um procedimento que visa obter as ponderações adequadas para as informações de desempenho do animal e de seus parentes, na predição do valor genético. Obtém-se assim, um valor numérico (índice) para cada animal, valor este que é usado para ordenar (rankiar) os animais da população.

As fontes de informação são as mesmas utilizadas na seleção com base em uma única fonte. Só que, agora, essas fontes são combinadas e utilizadas simultaneamente para a predição do valor genético dos indivíduos candidatos à seleção. As fontes são:

- a. Desempenho do próprio indivíduo candidato à seleção
- b. Desempenho de ancestrais como pai e mãe
- c. Desempenho de parentes colaterais como meio-irmãos ou de irmãos completos
- d. Desempenho da progênie.
- e. Desempenho de outros parentes, como avós, tios, primos etc. (menos importante)



A metodologia de índices de seleção pre-supõe que todos os grupos contemporâneos são geneticamente similares. Assim, uma diferença fenotípica de 5 kg em relação à média em um grupo contemporâneo é assumida como geneticamente equivalente a uma diferença fenotípica de 5 kg em outro grupo contemporâneo.

Os diferentes rebanhos são submetidos a diferentes pressões de seleção (diferentes intensidades seletivas) e, desta forma, não podem ser considerados como geneticamente similares. Portanto a metodologia dos índices de seleção só é válida para avaliação genética intra-rebanho. Não serve para ranquear animais em populações que envolvam diferentes rebanhos.

### *Propriedades do Índice de Seleção*

1. Maximiza a correlação entre o valor genético predito (**I**) e o valor genético verdadeiro (**A**), quer dizer, maximiza  $r_{IA}$ . Nenhum outro procedimento forneceria maior  $r_{IA}$ . Esta correlação é também chamada de *acurácia da predição do valor genético*.
2. Minimiza a soma de quadro dos erros de predição, ou seja, minimiza  $\Sigma(A_i - I)^2$
3. Maximiza a superioridade do grupo selecionado. O ganho genético é mais rápido.
4. Maximiza a probabilidade de correta indexação (correto ranking) dos animais quanto ao verdadeiro valor genético. Isto permite a comparação de animais avaliados com base em fontes de informação diferentes.
5. Fornece estimativas (predições) não viesadas. A média de  $A_i - I$  para todos os animais é igual a zero, ou seja, a média dos valores genéticos aditivos para todos os animais possíveis com o mesmo valor predito (mesmo índice) é igual ao índice.  $E(A_i) = I$ .

### *Expressão do Índice*

*O índice de seleção pode ser expresso pela seguinte equação:*

$$I_\alpha = b_1 X_1 + b_2 X_2 + b_3 X_3 + \dots + b_k X_k$$

*Que, em notação matricial se transforma em:  $I_\alpha = b' X$*

$$\text{Sendo, } b' = [b_1 \ b_2 \ b_3 \ \dots \ b_k] \quad e \quad X = \begin{bmatrix} X_1 \\ X_2 \\ X_3 \\ \dots \\ X_k \end{bmatrix}$$

$I_\alpha$  = valor genético do animal avaliado, animal  $\alpha$  (índice = valor genético)

$X_i$  =  $i$ ésima fonte de informação ( $i = 1, 2, 3, \dots, k$ ).

$b_i$  = fator de ponderação para a  $i$ ésima fonte de informação

-----  
A fonte  $X_i$  pode ser o desempenho de um animal, a média de  $n$  medidas de desempenho desse animal ou, ainda, o desempenho médio de um grupo de parentes.

## Estabelecimento do Índice de Seleção

O problema resume-se na obtenção dos fatores de ponderação (b's), que pode ser feita de duas formas: maximização de  $r_{IA}$  ou minimização da  $E(A-I)^2$ . A dedução a seguir será baseada na maximização de  $r_{IA}$ .

### Estabelecimento do Índice por Meio da Maximização de $r_{IA}$

#### Maximização de $r_{IA}$

Maximizar o logaritmo de  $r_{IA}$  é o mesmo que maximizar  $r_{IA}$ , porém mais simples. Para o índice

$$I = b_1X_1 + b_2X_2 + \dots + b_kX_k$$

$$r_{IA} = \frac{\sigma_{IA}}{\sqrt{\sigma_I^2 \times \sigma_A^2}} \rightarrow \log(r_{IA}) = \log(\sigma_{IA}) - \frac{1}{2}[\log(\sigma_I^2) + \log(\sigma_A^2)]$$

$$\sigma_{IA} = \text{Cov}(b_1X_1 + b_2X_2 + \dots + b_kX_k, A) = b_1\sigma_{X_1A} + b_2\sigma_{X_2A} + \dots + b_k\sigma_{X_kA}$$

$$\sigma_I^2 = \text{Var}(b_1X_1 + b_2X_2 + \dots + b_kX_k) = b_1^2\sigma_{X_1}^2 + 2b_1b_2\sigma_{X_1X_2} + \dots + 2b_1b_k\sigma_{X_1X_k} + b_2^2\sigma_{X_2}^2 + 2b_2b_3\sigma_{X_2X_3} + \dots + b_k^2\sigma_{X_k}^2$$

#### Sistema de Equações

Derivando  $\log(r_{IA})$  em relação aos b's, tem-se:

$$\frac{\delta \log(r_{IA})}{\delta b_1} = \frac{\sigma_{X_1A}}{\sigma_{IA}} - \frac{b_1\sigma_{X_1}^2 + b_2\sigma_{X_1X_2} + \dots + b_k\sigma_{X_1X_k}}{\sigma_I^2}$$

$$\frac{\delta \log(r_{IA})}{\delta b_2} = \frac{\sigma_{X_2A}}{\sigma_{IA}} - \frac{b_1\sigma_{X_1X_2} + b_2\sigma_{X_2}^2 + \dots + b_k\sigma_{X_2X_k}}{\sigma_I^2}$$

$$\frac{\delta \log(r_{IA})}{\delta b_n} = \frac{\sigma_{X_nA}}{\sigma_{IA}} - \frac{b_1\sigma_{X_1X_n} + b_2\sigma_{X_2X_n} + \dots + b_n\sigma_{X_n}^2}{\sigma_I^2}$$

Para que uma equação tenha máximo ou mínimo, sua derivada de primeira ordem deve ser igual a zero. Portanto, as derivadas parciais devem ser igualadas a zero.

E, portanto, igualando-se as derivadas parciais a zero, tem-se:

$$\frac{\sigma_{X_1A}}{\sigma_{IA}} - \frac{b_1\sigma_{X_1}^2 + b_2\sigma_{X_1X_2} + \dots + b_k\sigma_{X_1X_k}}{\sigma_I^2} = 0$$

$$\frac{\sigma_{X_2A}}{\sigma_{IA}} - \frac{b_1\sigma_{X_1X_2} + b_2\sigma_{X_2}^2 + \dots + b_k\sigma_{X_2X_k}}{\sigma_I^2} = 0$$

$$\dots = 0$$

$$\frac{\sigma_{X_kA}}{\sigma_{IA}} - \frac{b_1\sigma_{X_1X_k} + b_2\sigma_{X_2X_k} + \dots + b_k\sigma_{X_k}^2}{\sigma_I^2} = 0$$

## Estabelecimento das Equações Gerais do Índice por Meio da Maximização de $r_{IA}$

### Maximização de $r_{IA}$ - Continuação

Esse sistema acima pode, ser reescrito, sem nenhuma alteração, como:

$$b_1\sigma_{X_1}^2 + b_2\sigma_{X_1X_2} + \dots + b_k\sigma_{X_1X_k} = \frac{\sigma_I^2}{\sigma_{IA}} * \sigma_{X_1A}$$

$$b_1\sigma_{X_1X_2} + b_2\sigma_{X_2}^2 + \dots + b_k\sigma_{X_2X_k} = \frac{\sigma_I^2}{\sigma_{IA}} * \sigma_{X_2A}$$

$$b_1\sigma_{X_1X_k} + b_2\sigma_{X_2X_k} + \dots + b_k\sigma_{X_k}^2 = \frac{\sigma_I^2}{\sigma_{IA}} * \sigma_{X_kA}$$

$\frac{\sigma_I^2}{\sigma_{IA}} = \text{constante}$ . Essa constante não altera o valor relativo dos  $b$ 's nem o valor da acurácia ( $r_{IA}$ ) e pode, então, ser igualada a 1.

E, assim, em termos matriciais, as equações que determinam o índice

$I_a = b_1X_1 + b_2X_2 + \dots + b_kX_k$  são:

$$\begin{matrix} & P & & b & & G \\ \left[ \begin{array}{cccc} \sigma_{X_1}^2 & \sigma_{X_1X_2} & \dots & \sigma_{X_1X_k} \\ \sigma_{X_2X_1} & \sigma_{X_2}^2 & \dots & \sigma_{X_2X_k} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ \sigma_{X_kX_1} & \sigma_{X_kX_2} & \dots & \sigma_{X_k}^2 \end{array} \right] & \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \dots \\ b_k \end{bmatrix} & = & \begin{bmatrix} \sigma_{X_1A} \\ \sigma_{X_2A} \\ \dots \\ \sigma_{X_kA} \end{bmatrix} \end{matrix}$$

$$Pb = G$$

Em que:

$P$  = matriz de variâncias e covariâncias entre as fontes de informação ( $X_i$ )

$b$  = vetor de pesos ou fatores de ponderação ( $b_i$ ) dados às fontes ( $X_i$ )

$G$  = vetor de covariâncias entre as fontes de informação e o valor genético do animal avaliado ( $\alpha$ )

$k$  = número de fontes de informação

### Fontes de Informação

1. Desempenho de um animal
2. Média dos desempenhos de um animal (medidas repetidas)
3. Desempenho de um parente
4. Média dos desempenhos de um parente (medidas repetidas)
5. Média dos desempenhos de um grupo de parentes
6. Média dos desempenhos de um grupo de parentes (c/ medidas repetidas)

## Equações Para o Cálculo das Variâncias e das Covariâncias

Na construção dos índices, as variâncias e as covariâncias fenotípicas, assim como as covariâncias genéticas, podem ser calculadas com o uso das equações gerais, mostradas a seguir.

### 1. Variâncias Fenotípicas e Covariâncias Fenotípicas

#### Diagonal da Matriz P das Equações Gerais do Índice

A equação para o cálculo da variância fenotípica para qualquer fonte de informação (qualquer grupo de parentes) foi desenvolvida no capítulo de seleção com base em um única fonte (páginas 83 e 86).

Essa equação é dada por:

$$\sigma_{X_i}^2 = \frac{1 + (p-1)r + (n-1) a_{ii'}}{n} h^2 \sigma_P^2$$

Em que:

$\sigma_{X_i}^2$  = variância fenotípica da  $i$ ésima fonte de informação

$p$  = número de medidas (repetidas) de cada animal da  $i$ ésima fonte de informação

$r$  = repetibilidade da característica

$n$  = número de animais da  $i$ ésima fonte de informação

$a_{ii'}$  = covariância genética (parentesco - Wright) entre os animais da  $i$ ésima fonte de informação

$h^2$  = herdabilidade da característica

$\sigma_P^2$  = variância fenotípica da característica

A equação acima pode ser usada no cálculo das  $k$  variâncias na matriz do índice de seleção

#### Covariâncias Fenotípicas - (Off Diagonal)

No capítulo de seleção com base em uma única fonte de informação,  $X_i$  e  $X_{i'}$  são registros de produção de animais do mesmo grupo de parentes (mesma fonte de informação). E, assim,

$$\sigma_{X_i X_{i'}} = \text{Cov}(X_i, X_{i'}) = a_{ii'} \sigma_A^2 = a_{ii'} h^2 \sigma_P^2 \quad (\text{desenvolvida nas páginas 49, 71 e 86})$$

Considerando-se agora, a predição genética com base em múltiplas fontes, ou seja, com base no índice, tem-se:  $I_a = b_1 X_1 + b_2 X_2 + \dots + b_k X_k$  e as equações gerais do índice são:

$$\begin{matrix} & P & & b & & G \\ \begin{bmatrix} \sigma_{X_1}^2 & \sigma_{X_1 X_2} & \dots & \sigma_{X_1 X_k} \\ \sigma_{X_2 X_1} & \sigma_{X_2}^2 & \dots & \sigma_{X_2 X_k} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ \sigma_{X_k X_1} & \sigma_{X_k X_2} & \dots & \sigma_{X_k}^2 \end{bmatrix} & & & \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \dots \\ b_k \end{bmatrix} & = & \begin{bmatrix} \sigma_{X_1 A_a} \\ \sigma_{X_2 A_a} \\ \dots \\ \sigma_{X_k A_a} \end{bmatrix} \end{matrix}$$

2. Covariâncias Fenotípicas e Genéticas

**Covariâncias Fenotípicas - (Off Diagonal) - Continuação**

Neste caso (matriz acima), as covariâncias são entre os animais de uma fonte (i) e os animais de outra fonte (j). E, então,

$$\sigma_{X_i X_j} = a_{ij} \sigma_A^2 = a_{ij} h^2 \sigma_P^2$$

Em que,

$a_{ij}$  = covariância genética (parentesco de Wright) entre a  $i$ ésima e a  $j$ ésima fonte

$h^2$  = herdabilidade da característica

$\sigma_A^2$  = variância genética aditiva da característica

$\sigma_P^2$  = variância fenotípica da característica

**Vetor G das Equações Gerais do Índice**

Entende-se por covariância genética, neste contexto, a covariância entre o desempenho fenotípico dos animais da fonte de informação e o valor genético aditivo do animal avaliado. Não se trata, então, do parentesco de wright.

Da mesma forma que para as variâncias e covariâncias fenotípicas, foi desenvolvida, no capítulo de seleção com base em uma única fonte, a equação para o cálculo da covariância entre o desempenho fenotípico dos animais da fonte de informação (i) e o valor genético aditivo do animal avaliado ( $\alpha$ ). Ou seja,

$$\sigma_{X_i \alpha} = a_{i\alpha} \sigma_A^2 = a_{i\alpha} h^2 \sigma_P^2 \quad (\text{desenvolvida na página 83})$$

Em que,

$a_{i\alpha}$  = covariância genética (parentesco de wright) entre a  $i$ ésima fonte de informação e o indivíduo que está sendo avaliado ( $\alpha$ )

$h^2$  = herdabilidade da característica

$\sigma_A^2$  = variância genética aditiva da característica

$\sigma_P^2$  = variância fenotípica da característica

---

Esta equação geral pode ser usada, então, para o cálculo da covariância entre o valor fenotípico (desempenho) de cada uma das fontes (i) e o valor genético aditivo do animal avaliado (alpha).

**Variâncias Fenotípicas (Diagonal da Matriz P)**

$$\sigma_{X_i}^2 = \frac{1 + (p-1)r}{p} + \frac{(n-1) a_{ii'} h^2}{n} \sigma_P^2 \quad (\text{Equação 19})$$

**Covariâncias Fenotípicas (Off Diagonal da Matriz P)**

$$\sigma_{X_i X_j} = a_{ij} \sigma_A^2 = a_{ij} h^2 \sigma_P^2 \quad (\text{Equação 20})$$

**Covariâncias Genéticas (Vetor G)**

$$\sigma_{X_i A_\alpha} = a_{i\alpha} h^2 \sigma_P^2 \quad (\text{Equação 21})$$

*Acurácia do Índice de Seleção*

**Índice de Seleção**

$$I_\alpha = b_1 X_1 + b_2 X_2 + \dots + b_k X_k$$

$I_\alpha$  = Índice = valor genético predito do indivíduo  $\alpha$

$X_i$  =  $i^{\text{ésima}}$  fonte de informação (desempenho)

$b_i$  = fator de ponderação da  $i^{\text{ésima}}$  fonte (coeficientes de regressão parciais)

$r_{IA}$  = acurácia = correlação entre o valor genético predito (I) e o valor genético verdadeiro (A)

A = valor genético verdadeiro [ $I = E(A)$ ]

Para esse índice, a acurácia ( $r_{IA}$ ) é a correlação entre I e A. Portanto,  $r_{IA} = \frac{\sigma_{IA}}{\sqrt{\sigma_I^2 \times \sigma_A^2}}$

$$\sigma_{IA} = \text{Cov}[(b_1 X_1 + b_2 X_2 + \dots + b_k X_k), A_\alpha] = b_1 a_{1\alpha} \sigma_A^2 + b_2 a_{2\alpha} \sigma_A^2 + \dots + b_k a_{k\alpha} \sigma_A^2 = \sum b_i a_{i\alpha} \sigma_A^2$$

$a_{i\alpha}$  = parentesco (Wright) entre a  $i^{\text{ésima}}$  fonte de informação e o indivíduo que está sendo avaliado( $\alpha$ )

$$\sigma_I^2 = \sigma_{IA} = (\text{escalonamento do índice}) \rightarrow$$

$$r_{IA} = \frac{\sigma_{IA}}{\sqrt{\sigma_{IA} \times \sigma_A^2}} = \frac{\sum b_i a_{i\alpha} \sigma_A^2}{\sqrt{\sum b_i a_{i\alpha} \times \sigma_A^2}} = \frac{\sum b_i a_{i\alpha}}{\sqrt{\sum b_i \times a_{i\alpha}}} \quad \text{ou seja,}$$

$$\text{Acurácia} = r_{IA} = \sqrt{\sum b_i \times a_{i\alpha}}$$

$r_{IA}$  = acurácia = correlação entre o valor genético predito (I) e o valor genético verdadeiro (A)

$b_i$  = fator de ponderação (coeficiente de regressão parcial) da  $i^{\text{ésima}}$  fonte de informação

$a_{i\alpha}$  = covariância genética (parent. de Wright) entre a  $i^{\text{ésima}}$  fonte de informação e o animal avaliado( $\alpha$ )

$\sum$  = somatório para todas as fontes de informação

**Variância dos Erros de Predição**

$$VEP = Var (A-I) = E(A-I)^2 = (1 - r_{IA}^2)\sigma_A^2$$

Em que :

VEP = variância dos erros de predição

(A-I) = erro de predição

A = valor genético verdadeiro

I = valor genético predito (índice)

$r_{IA}$  = acurácia do índice ou acurácia da predição genética

$r_{IA}^2$  = confiabilidade (reliability) da predição genética (confiabilidade do índice)

$\sigma_A^2$  = variância genética aditiva

**Erro Padrão**

$$ep = \sqrt{VEP} = \sqrt{(1 - r_{IA}^2)\sigma_A^2}$$

ep = erro-padrão dos erros de predição

**Intervalo de Confiança (IC)**

$$IC = I \pm t_{\alpha} \cdot ep \rightarrow IC = I \pm t_{\alpha} \sqrt{(1 - r_{IA}^2)\sigma_A^2}$$

$I \pm t_{\alpha} \sqrt{(1 - r_{IA}^2)\sigma_A^2}$  é um intervalo de confiança de (1-  $\alpha$ ) para o verdadeiro valor genético.

**Exemplos de Construção de Índices de Seleção**

**1. Selecionar Dois Coelhos em Seis com Base em Seus Pópios Valores Fenotípicos**

Peso dos Coelhos na 10ª Semana de Vida

	Coelhos Candidatos à Seleção					
	1	2	3	4	5	6
Peso	1.950	1.800	1.600	1.600	2.100	2.000
Desvio	42,8	-107,2	-307,2	-307,2	<b>192,8</b>	<b>92,8</b>

Parâmetros Genéticos Utilizados

$\mu = 1.907,2$ ;       $\sigma_p = 384$  g;       $h^2 = 0,30$

Na verdade, não se trata de índice de seleção, mas sim de seleção com base em uma única fonte de informação, os desempenhos individuais dos próprios candidatos à seleção. Os resultados servirão de base para comparação com os índices.

**Valor Genético Predito**

Na predição com base no valor fenotípico individual, o valor genético é dado por:

$$VG = h^2(P_i - \mu)$$

$$VG(C_1) = 0,30 \times (42,8) = +12,8$$

$$VG(C_2) = 0,30 \times (-107,2) = -32,2$$

$$VG(C_3) = 0,30 \times (-307,2) = -92,2$$

$$VG(C_4) = 0,30 \times (-307,2) = -92,2$$

$$VG(C_5) = 0,30 \times (192,8) = +57,8$$

$$VG(C_6) = 0,30 \times (92,8) = +27,8$$

-----  
**Acurácia**

$$ACC = \sqrt{h^2} = \sqrt{0,30} = 0,55$$

Classificação dos coelhos

Coelho	Classificação	Valor Genético
<b>C5</b>	<b>1</b>	<b>57,8</b>
<b>C6</b>	<b>2</b>	<b>27,8</b>
C1	3	12,8
C2	4	-32,2
C3	5	-92,2
C4	6	-92,2

Resposta à Seleção

**Intensidade de Seleção e outros Parâmetros**

$$p = \frac{2}{6} = 0,333 \rightarrow i_s = 1,10; \quad \text{Assumindo } i_q = 0, \rightarrow i = \frac{1,10 + 0}{2} = 0,55$$

$$h^2 = 0,30; \quad \sigma_p = 384,0g \quad e \quad r_{\hat{A}A} = 0,55$$

-----  
**Resposta a Seleção**

$$\Delta G = i r_{\hat{A}A} \sqrt{h^2} \sigma_p = 0,55 \times 0,55 \times \sqrt{0,30} \times 384,0g = 63,4g$$



**2. Selecionar Dois Coelhos em Seis com Base em Seus Pópios Valores Fenotípicos + Desempenho de Um Meio-irmão Paterno**

*Peso dos Coelhos na 10ª Semana de Vida*

Coelhos Candidatos à Seleção						
	1	2	3	4	5	6
Peso	1.950	1.800	1.600	1.600	2.100	2.000
Desvio	42,8	-107,2	-307,2	-307,2	192,8	92,8
Meio-Irmãos Correspondentes						
Peso	1.950	2.050	2.100	1.800	1.550	1.380
Desvio	42,8	142,8	192,8	-107,2	-357,2	-527,2

*Parâmetros Genéticos Utilizados*

$$\mu = 1.907,2; \quad \sigma_p = 384 \text{ g}; \quad h^2 = 0,30$$

*Estabelecimento do Índice*

***Equações Gerais dos Índices de Seleção***

$$\begin{array}{c}
 P \\
 \left[ \begin{array}{ccc}
 \sigma_{X_1}^2 & \sigma_{X_1 X_2} & \dots \\
 \sigma_{X_2 X_1} & \sigma_{X_2}^2 & \dots \\
 \dots & \dots & \dots \\
 \sigma_{X_k X_1} & \sigma_{X_k X_2} & \dots
 \end{array} \right]
 \end{array}
 \begin{array}{c}
 b \\
 \left[ \begin{array}{c}
 b_1 \\
 b_2 \\
 \dots \\
 b_k
 \end{array} \right]
 \end{array}
 =
 \begin{array}{c}
 G \\
 \left[ \begin{array}{c}
 \sigma_{X_1 A_\alpha} \\
 \sigma_{X_2 A_\alpha} \\
 \dots \\
 \sigma_{X_k A_\alpha}
 \end{array} \right]
 \end{array}$$

*Em que k, é o número de fontes de informação*

***Índice Proposto***

*Considerando-se o índice  $I_\alpha = b_1 X_1 + b_2 X_2$ , em que  $\alpha$  é o animal avaliado,  $X_1$  é o desempenho do próprio animal e  $X_2$  é o desempenho de um meio-irmão paterno, tem-se as equações do índice*

***Equações do Índice Proposto***

$$\begin{array}{c}
 P \\
 \left[ \begin{array}{cc}
 \sigma_{X_1}^2 & \sigma_{X_1 X_2} \\
 \sigma_{X_2 X_1} & \sigma_{X_2}^2
 \end{array} \right]
 \end{array}
 \begin{array}{c}
 b \\
 \left[ \begin{array}{c}
 b_1 \\
 b_2
 \end{array} \right]
 \end{array}
 =
 \begin{array}{c}
 G \\
 \left[ \begin{array}{c}
 \sigma_{X_1 A_\alpha} \\
 \sigma_{X_2 A_\alpha}
 \end{array} \right]
 \end{array}$$

**Variâncias Fenotípicas**

$$\sigma_{X_i}^2 = \frac{1 + (p-1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2 \sigma_P^2$$

**Fonte 1**

$$p = 1 \text{ e } n = 1 \rightarrow \sigma_{X_1}^2 = \frac{1 + (1-1)r}{1} + (1-1) a_{ii'} h^2 \sigma_P^2 = \sigma_P^2$$

**Fonte 2**

$$p = 1 \text{ e } n = 1 \rightarrow \sigma_{X_2}^2 = \frac{1 + (1-1)r}{1} + (1-1) a_{ii'} h^2 \sigma_P^2 = \sigma_P^2$$

**Covariância Fenotípica**

$$\sigma_{X_i X_j} = a_{ij} \sigma_A^2 = a_{ij} h^2 \sigma_P^2$$

$$a_{ij} = a_{12} \frac{1}{4} \text{ (meio-irmãos)} \rightarrow \sigma_{X_1 X_2} = \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2$$

**Covariâncias Genéticas**

$$\sigma_{X_i A_u} = a_{iu} \sigma_A^2 = a_{iu} h^2 \sigma_P^2$$

$$a_{11} = 1 \text{ (animal avaliado é o mesmo da fonte 1)}$$

$$a_{12} = \frac{1}{4} \text{ (animal avaliado e a fonte 2 são meio-irmãos)}$$

$$\sigma_{X_1 A_u} = h^2 \sigma_P^2 \text{ e } \sigma_{X_2 A_u} = \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2$$

Montando-se a matriz ...

$$\begin{matrix} & P & & b & & G \\ \left[ \begin{array}{cc} \sigma_P^2 & \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2 \\ \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2 & \sigma_P^2 \end{array} \right] & & \left[ \begin{array}{c} b_1 \\ b_2 \end{array} \right] & = & \left[ \begin{array}{c} h^2 \sigma_P^2 \\ \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2 \end{array} \right] \end{matrix}$$

Multiplicando-se, no sistema da página anterior, os dois termos por  $(\sigma_p^2)^{-1}$  :

$$\begin{array}{ccc}
 P & b & G \\
 \left[ \begin{array}{cc} 1 & \frac{1}{4}h^2 \\ \frac{1}{4}h^2 & 1 \end{array} \right] \left[ \begin{array}{c} b_1 \\ b_2 \end{array} \right] & = & \left[ \begin{array}{c} h^2 \\ \frac{1}{4}h^2 \end{array} \right]
 \end{array}$$

Substituindo  $h^2$  por seu valor, tem-se:

$$\begin{array}{ccc}
 P & b & G \\
 \left[ \begin{array}{cc} 1 & 0,25 \times 0,30 \\ 0,25 \times 0,30 & 1 \end{array} \right] \left[ \begin{array}{c} b_1 \\ b_2 \end{array} \right] & = & \left[ \begin{array}{c} 0,30 \\ 0,25 \times 0,30 \end{array} \right] \rightarrow \left[ \begin{array}{cc} 1 & 0,075 \\ 0,075 & 1 \end{array} \right] \left[ \begin{array}{c} b_1 \\ b_2 \end{array} \right] = \left[ \begin{array}{c} 0,30 \\ 0,075 \end{array} \right]
 \end{array}$$

**Solução da Matriz**

$$P\mathbf{b} = \mathbf{G} \rightarrow \mathbf{b} = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} = P^{-1}\mathbf{G}$$

$$\begin{array}{ccc}
 P^{-1} & & G \\
 \mathbf{b} = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} = \frac{1}{0,994375} \left[ \begin{array}{cc} 1 & -0,075 \\ -0,075 & 1 \end{array} \right] \left[ \begin{array}{c} 0,300 \\ 0,075 \end{array} \right] & \rightarrow & \mathbf{b} = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} = \left[ \begin{array}{c} 0,296 \\ 0,053 \end{array} \right] \rightarrow
 \end{array}$$

$$I_u = 0,296X_1 + 0,053X_2$$

**Índices dos Coelhoos**

$$I_1 = 0,296 \times (42,8) + 0,053 \times (42,8) = +14,9$$

$$I_2 = 0,296 \times (-107,2) + 0,053 \times (142,8) = -24,2$$

$$I_3 = 0,296 \times (-307,2) + 0,053 \times (192,8) = -80,7$$

$$I_4 = 0,296 \times (-307,2) + 0,053 \times (-107,2) = -96,6$$

$$I_5 = 0,296 \times (192,8) + 0,053 \times (-357,2) = +38,1$$

$$I_6 = 0,296 \times (92,8) + 0,053 \times (-527,2) = -0,5$$

### **Cálculo da Acurácia**

Considerando-se o índice  $I_{\alpha} = 0,296X_1 + 0,053X_2$ , em que  $\alpha$  é o animal que está sendo avaliado,  $X_1$  é o próprio animal e  $X_2$  é um meio-irmão, a acurácia ( $r_{IA}$ ) é dada por:

$$r_{IA} = \sqrt{\sum b_i a_{i\alpha}} = \sqrt{b_1 x a_{1\alpha} + b_2 x a_{2\alpha}}$$

$$a_{i\alpha} = 1 \text{ e } a_{2\alpha} = \frac{1}{4}$$

$$r_{IA} = \sqrt{0,296 x 1 + 0,053 x \frac{1}{4}} = \sqrt{0,30925} = 0,56$$

---

### **Equação do Intervalo de Confiança**

$I \pm t_{\alpha} \sqrt{(1 - r_{IA}^2) \sigma_A^2}$  é um intervalo de confiança de  $(1 - \alpha)$  para o verdadeiro valor genético

#### **Parâmetros Populacionais**

$$r_{IA} = 0,56 \quad \rightarrow \quad r_{IA}^2 = 0,3136$$

$$\sigma_p = 384g \quad \rightarrow \quad \sigma_p^2 = 147.456$$

$$\sigma_A^2 = h^2 x \sigma_p^2 = 0,30 x 147.456 = 44.236,8$$

#### **Erro-Padrão**

$$ep = \sqrt{VEP} = \sqrt{(1 - r_{IA}^2) \sigma_A^2} \quad \rightarrow \quad ep = \sqrt{(1 - 0,3136) x 44.236,8} = 174,25$$

$$\text{Para } \alpha = 10\% , t_{\alpha} (10\%) = 1,645 \quad \rightarrow \quad t_{\alpha} x ep = 1,645 x 174,25 = 286,6$$

#### **Intervalo de Confiança para o Índice do Coelho 1**

$$IC = I \pm t_{\alpha} \sqrt{(1 - r_{IA}^2) \sigma_A^2} \quad \rightarrow \quad IC = I \pm t_{\alpha} x ep = 14,9 \pm 286,6$$

$(-217,7 ; 301,5)$  é um intervalo de confiança de 90% para o verdadeiro valor genético do Coelho 1

Como as predições são baseadas em uma informação do candidato à seleção e, para cada candidato, o desempenho de um meio-irmão, as acurácias são iguais para os valores genéticos dos seis coelhos.

### Classificação dos Coelhos

Classificação	Coelho	Valor Genético
1	C5	38,1
2	C1	14,9
3	C6	-0,5
4	C2	-24,2
5	C3	-80,7
6	C4	-96,6

### Comparação da Ordenação Pelos Dois Métodos

Classificação			
Desempenho Individual		Desempenho Individual + Meio-Irmão	
1	C5	1	C1
2	C6	2	C6
3	C1	3	C2
4	C2	4	C5
5	C3	5	C3
6	C4	6	C4

Como se pode observar, a classificação dos coelhos pelo índice foi diferente da classificação com base apenas no desempenho fenotípico individual dos candidatos. Como a proposta atual é de selecionar com base no índice, os machos escolhidos são C1 e C6.

### Resposta à Seleção

#### **Equação da Resposta à Seleção**

Considerando-se o índice  $I_{\alpha} = 0,296X_1 + 0,053X_2$ , em que  $\alpha$  é o animal que está sendo avaliado,  $X_1$  é o próprio animal e  $X_2$  é um meio-irmão, a resposta à seleção ( $\Delta G$ ) é dada por:

$$\Delta G = i r_{IA} \sqrt{h^2} \sigma_P$$

$$p = \frac{2}{6} = 0,33 \rightarrow i_{\sigma} = 1,10$$

$$\text{Assumindo } i_{\varphi} = 0, \quad i = \frac{1,10 + 0}{2} = 0,55$$

$$r_{IA} = 0,56 ; \quad h^2 = 0,30 \quad \sigma_P = 384g$$

$$\Delta G = i r_{IA} \sqrt{h^2} \sigma_P = 0,55 \times 0,56 \times \sqrt{0,30} \times 384g = 64,8g \quad [\text{Anterior} = 63,4g]$$

### 3. Construção de Índice de Seleção Baseado no Valor Fenotípico Individual + Média de n Meio-Irmãos

*Selecionar Dois Coelhos em Seis Disponíveis*

*Baseado no Valor Fenotípico Individual + Média de Seis Meio-Irmãos*

Coelhos Candidatos à Seleção (Coelhos a Serem Avaliados)							
	1	2	3	4	5	6	
Peso dos Coelhos							
Peso	1.950	1.800	1.600	1.600	2.100	2.000	
Desvio	42,8	-107,2	-307,2	-307,2	192,8	92,8	
Peso dos Meio-Irmãos Correspondentes							
1	1.950	2.050	2.100	1.800	1.550	1.380	
2	1.900	<u>2.250</u>	2.350	2.600	1.750	950	
3	2.000	2.100	1.980	2.200	1.650	1.400	
4	1.750	1.800	2.000	1.950	1.550	<u>2.250</u>	
5	1.900	2.200	1.950	2.400	1.350	2.300	
6	1.600	1.800	2.300	<u>2.250</u>	1.100	<u>2.250</u>	
Média	1.850,0	2.033,3	2.113,3	2.200,0	1.491,7	1.755,0	1.907,2
Desvio	-57,2	126,1	206,1	292,8	-415,5	-152,2	-

**Índice de Seleção**

$$I_{\alpha} = b_1X_1 + b_2X_2 + \dots + b_kX_k$$

**Equações Gerais do Índice**

$$\begin{matrix} & P & & b & & G \\ \left[ \begin{matrix} \sigma_{X_1}^2 & \sigma_{X_1X_2} & \dots & \sigma_{X_1X_k} \\ \sigma_{X_2X_1} & \sigma_{X_2}^2 & \dots & \sigma_{X_2X_k} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ \sigma_{X_kX_1} & \sigma_{X_kX_2} & \dots & \sigma_{X_k}^2 \end{matrix} \right] & \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \dots \\ b_k \end{bmatrix} & = & \begin{bmatrix} \sigma_{X_1A_{\alpha}} \\ \sigma_{X_2A_{\alpha}} \\ \dots \\ \sigma_{X_kA_{\alpha}} \end{bmatrix}
 \end{matrix}$$

*Em que k, é o número de fontes de informação*

**Índice Proposto:**  $I_{\alpha} = b_1X_1 + b_2X_2$

*Para esse índice, em que  $\alpha$  é o animal que está sendo avaliado,  $X_1$  é o desempenho do próprio animal e  $X_2$  é a média de um grupo n de meio-irmãos, as equações são:*

$$\begin{matrix} & P & & b & & G \\ \left[ \begin{matrix} \sigma_{X_1}^2 & \sigma_{X_1X_2} \\ \sigma_{X_2X_1} & \sigma_{X_2}^2 \end{matrix} \right] & \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} & = & \begin{bmatrix} \sigma_{X_1A_{\alpha}} \\ \sigma_{X_2A_{\alpha}} \end{bmatrix} & \text{[Equações do Índice Proposto]}
 \end{matrix}$$

**Variâncias Fenotípicas**

$$\sigma_{X_1}^2 = \frac{1 + (p-1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2 \sigma_P^2$$

**Fonte1**

$$p = 1 \text{ e } n = 1 \rightarrow \sigma_{X_1}^2 = \frac{1 + (1-1)r}{1} + (1-1) a_{ii'} h^2 \sigma_P^2 = \sigma_P^2$$

**Fonte2**

$$p = 1 ; a_{ii'} = \frac{1}{4} \rightarrow \sigma_{X_2}^2 = \frac{1 + (1-1)r}{1} + (n-1) \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2 = \frac{1 + (n-1) \frac{1}{4} h^2}{n} \sigma_P^2$$

**Covariâncias**

*Covariância Fenotípica*

$$\sigma_{X_i X_j} = a_{ij} \sigma_A^2 = a_{ij} h^2 \sigma_P^2$$

$$a_{ij} = a_{12} \frac{1}{4} \text{ [meio-irmãos]} \rightarrow \sigma_{X_1 X_2} = \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2$$

*Covariâncias Genéticas*

$$\sigma_{X_i A_u} = a_{iu} \sigma_A^2 = a_{iu} h^2 \sigma_P^2$$

$$a_{11} = 1 \text{ [animal avaliado é o mesmo da fonte 1]} \rightarrow$$

$$\sigma_{X_1 A_u} = h^2 \sigma_P^2$$

$$a_{12} = \frac{1}{4} \text{ [animal avaliado e a fonte 2 são meio-irmãos]} \rightarrow$$

$$\sigma_{X_2 A_u} = \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2$$

Montando-se a matriz ...

$$\begin{matrix} & P & & b & & G \\ \left[ \begin{array}{cc} \sigma_P^2 & \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2 \\ \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2 & \frac{1 + (n-1) \frac{1}{4} h^2}{n} \sigma_P^2 \end{array} \right] & & \left[ \begin{array}{c} b_1 \\ b_2 \end{array} \right] & = & \left[ \begin{array}{c} h^2 \sigma_P^2 \\ \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2 \end{array} \right] \end{matrix}$$

Multiplicando-se, no sistema da página anterior, os dois termos por  $(\sigma_p^2)^{-1}$  :

$$\begin{array}{c}
 P \qquad \qquad \qquad b \qquad \qquad \qquad G \\
 \left[ \begin{array}{cc} 1 & \frac{1}{4}h^2 \\ \frac{1}{4}h^2 & 1 + (n-1)\frac{1}{4}h^2 \end{array} \right] \left[ \begin{array}{c} b_1 \\ b_2 \end{array} \right] = \left[ \begin{array}{c} h^2 \\ \frac{1}{4}h^2 \end{array} \right] \quad [Equações Finais do Índice]
 \end{array}$$

Substituindo os valores ( $n = 6$  e  $h^2 = 0,30$ ) nas equações finais do índice e realizando as operações matemáticas,

$$\begin{array}{c}
 P \qquad \qquad \qquad b \qquad \qquad \qquad G \\
 \left[ \begin{array}{cc} 1 & 0,25 \times 0,30 \\ 0,25 \times 0,30 & 1 + (6-1) \times 0,25 \times 0,30 \end{array} \right] \left[ \begin{array}{c} b_1 \\ b_2 \end{array} \right] = \left[ \begin{array}{c} 0,30 \\ 0,25 \times 0,30 \end{array} \right]
 \end{array}$$

$$\left[ \begin{array}{cc} 1,000 & 0,075 \\ 0,075 & 0,229 \end{array} \right] \left[ \begin{array}{c} b_1 \\ b_2 \end{array} \right] = \left[ \begin{array}{c} 0,300 \\ 0,075 \end{array} \right]$$

$$b = P^{-1}G \rightarrow b = \left[ \begin{array}{c} b_1 \\ b_2 \end{array} \right] = \frac{1}{0,223375} \left[ \begin{array}{cc} 0,229 & -0,075 \\ -0,075 & 1,000 \end{array} \right] \left[ \begin{array}{c} 0,300 \\ 0,075 \end{array} \right] = \left[ \begin{array}{c} 0,282 \\ 0,235 \end{array} \right] \rightarrow$$

$$I_u = 0,282X_1 + 0,235X_2$$

#### Índices dos Coelho

$$I_1 = 0,282 \times (42,8) + 0,235 \times (-57,2) = -1,4$$

$$I_2 = 0,282 \times (-107,2) + 0,235 \times (126,1) = -0,6$$

$$I_3 = 0,282 \times (-307,2) + 0,235 \times (206,1) = -38,2$$

$$I_4 = 0,282 \times (-307,2) + 0,235 \times (292,8) = -17,8$$

$$I_5 = 0,282 \times (192,8) + 0,235 \times (-415,5) = -43,3$$

$$I_6 = 0,282 \times (92,8) + 0,235 \times (-152,2) = -9,6$$



## Acurácia

<b>Equação da Acurácia</b>	
$Acurácia = r_{IA} = \sqrt{\sum b_i a_{i\alpha}}$	$I_\alpha = 0,282X_1 + 0,235X_2$
$a_{1\alpha} = 1 \text{ e } a_{2\alpha} = \frac{1}{4}$	
$r_{IA} = \sqrt{b_1 \times a_{1\alpha} + b_2 \times a_{2\alpha}} = \sqrt{0,282 \times 1 + 0,235 \times \frac{1}{4}} = \sqrt{0,34075} = 0,58 \quad [Antes \text{ era } 0,56]$	

## Classificação dos Coelhos

Classificação	Coelho	Índice
<b>1</b>	<b>C2</b>	<b>-0,6</b>
<b>2</b>	<b>C1</b>	<b>-1,4</b>
3	C6	-9,6
4	C4	-17,9
5	C3	-38,2
6	C5	-43,2

## Comparação dos Coelhos de Acordo com o Método de Predição Genética

Classificação					
Desempenho Individual		Indivíduo + Um Meio_irmão		Indivíduo + Média de Seis Meio-Irmãos	
Acc = 0,55		Acc = 0,56		Acc = 0,58	
1	C5	1	C1	1	C2
2	C6	2	C6	2	C1
3	C1	3	C2	3	C6
4	C2	4	C5	4	C4
5	C3	5	C3	5	C3
6	C4	6	C4	6	C5

A classificação se modifica de acordo com o método no qual se baseia. Deve-se ressaltar no entanto, que o método que forneceu maior acurácia, entre os três, foi o índice envolvendo desempenho individual + média de 6 meio-irmãos paternos. Lembrar que as diferenças de acurácia não foram, todavia, grandes. Os valores foram 0,55; 0,56 e 0,58, respectivamente para seleção com base no desempenho individual, Indivíduo + um meio-irmão e indivíduo + média de seis meio-irmãos.

**Equação da Resposta à Seleção**

$$\Delta G = ir_{IA}\sqrt{h^2}\sigma_P$$


---

**Intensidade de Seleção**

$$p = \frac{2}{6} = 0,33 \rightarrow i_{\sigma} = 1,10 \quad \text{Assumindo } i_{\varphi} = 0, \quad i = \frac{i_{\sigma} + i_{\varphi}}{2} = \frac{1,10 + 0}{2} = 0,55$$

**Parâmetros da População**

$$i = 0,555 \quad ; \quad r_{IA} = 0,58 \quad ; \quad h^2 = 0,30 \quad ; \quad \sigma_P = 384g$$

**Ganho Genético**

$$\Delta G = ir_{IA}\sqrt{h^2}\sigma_P = 0,55 \times 0,58 \times \sqrt{0,30} \times 384g = 67,1g \quad [\text{Anteriores: } 63,4g \text{ e } 64,8g]$$

Observar que a resposta à seleção passou de 63,4 g na seleção com base no valor fenotípico individual para 64,8g na seleção com base no desempenho individual + desempenho de um meio-irmão, indo para 67,1g na seleção com base no desempenho individual + média de desempenho de seis meio-irmãos.

#### 4. Construção de Índice de Seleção com Três Fontes: Desempenho Individual + Média de $n_1$ Meio-Irmãos Paternos + Média de $n_2$ Progênes

*Selecionar Dois Coelhos em Seis Disponíveis*

*Baseado no Valor Fenotípico Individual + Média de Seis Meio-Irmãos + Média de 10 Progênes*

Coelhos a Serem Avaliados (Candidatos à Seleção)							
	1	2	3	4	5	6	
Peso dos Candidatos							
Peso	1.950	1.800	1.600	1.600	2.100	2.000	
Desvio	42,8	-107,2	-307,2	-307,2	192,8	92,8	
Peso dos Meio-Irmãos Correspondentes							
1	1.950	2.050	2.100	1.800	1.550	1.380	
2	1.900	2.250	2.350	2.600	1.750	950	
3	2.000	2.100	1.980	2.200	1.650	1.400	
4	1.750	1.800	2.000	1.950	1.550	2.250	
5	1.900	2.200	1.950	2.400	1.350	2.300	
6	1.600	1.800	2.300	2.250	1.100	2.250	
Média	1.850,0	2.033,3	2.113,3	2.200,0	1.491,7	1.755,0	1.907,2
Desvio	-57,2	126,1	206,1	292,8	-415,5	-152,2	-

Peso da Progênie de Seis Coelhos Candiados à Seleção - Peso na 10ª Semana de Vida

GC*	Coelhos a Serem Avaliados (Candidatos à Seleção)						Geral
	1	2	3	4	5	6	
	Peso da Respectiva Progênie						
<b>1</b>	1.700	1.500	1.400	2.250	2.200	1.250	GC1
	2.500	1.800	2.000	2.350	2.150	1.600	
	1.800	1.850	1.050	1.000	1.850	2.500	
	1.950	2.800	900	1.700	1.100	1.050	
	2.450	2.000	1.200	2.450	2.250	2.050	
Média	2.080	1.990	1.310	1.950	1.910	1.690	1.821,7
Desvio	258,3	168,3	-511,7	128,3	88,3	-131,3	-
<b>2</b>	1.250	2.400	2.100	1.300	2.100	2.100	GC2
	1.200	2.400	2.150	2.300	1.950	1.000	
	1.650	1.050	2.000	1.350	1.400	1.450	
	2.250	2.200	1.650	2.100	1.450	2.000	
	1.900	1.200	2.700	900	2.550	1.800	
Média	1.650	1.850	2.120	1.590	1.890	1.670	1.795,0
Desvio	-145,0	55,0	325,0	-205,0	95,0	-125,0	-
Desvio m	56,6	111,6	-93,4	-38,4	91,6	-128,2	-

\*GC = Grupo Contemporâneo

Parâmetros Genéticos Utilizados:  $\mu = 1.907,2$ ;  $\sigma_p = 384$  g;  $h^2 = 0,30$

$$I_{\alpha} = b_1X_1 + b_2X_2 + \dots + b_kX_k$$

**Equações Gerais do Índice**

$$\begin{bmatrix} \sigma_{X_1}^2 & \sigma_{X_1X_2} & \dots & \sigma_{X_1X_k} \\ \sigma_{X_2X_1} & \sigma_{X_2}^2 & \dots & \sigma_{X_2X_k} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ \sigma_{X_kX_1} & \sigma_{X_kX_2} & \dots & \sigma_{X_k}^2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \dots \\ b_k \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma_{X_1A_{\alpha}} \\ \sigma_{X_2A_{\alpha}} \\ \dots \\ \sigma_{X_kA_{\alpha}} \end{bmatrix}$$

Em que  $k$ , é o número de fontes de informação

**Índice Proposto**

$$I_u = b_1X_1 + b_2X_2 + b_3X_3$$

$$\begin{matrix} & & & P & & & b & & G \\ \begin{bmatrix} \sigma_{X_1}^2 & \sigma_{X_1X_2} & \sigma_{X_1X_3} \\ \sigma_{X_2X_1} & \sigma_{X_2}^2 & \sigma_{X_2X_3} \\ \sigma_{X_3X_1} & \sigma_{X_3X_2} & \sigma_{X_3}^2 \end{bmatrix} & & & \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{bmatrix} & = & & \begin{bmatrix} \sigma_{X_1A_u} \\ \sigma_{X_2A_u} \\ \sigma_{X_3A_u} \end{bmatrix} & & \end{matrix} \quad [\text{Equações do Índice}]$$

**Variâncias Fenotípicas - Matriz P**

$$\sigma_{X_i}^2 = \frac{1 + (p-1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2 \sigma_P^2$$

Fonte 1 - Desempenho Fenotípico Individual Sem Medidas Repetidas

$$p = 1 \text{ e } n = 1 \rightarrow \sigma_{X_1}^2 = \frac{1 + (1-1)r}{1} + (1-1) a_{ii'} h^2 \sigma_P^2 = \sigma_P^2$$

Fonte 2 - Média de um Grupo de Meio-Irmãos

$$p = 1 ; n = n_1 ; a_{ii'} = \frac{1}{4} \rightarrow \sigma_{X_2}^2 = \frac{1 + (1-1)r}{n_1} + (n_1-1) \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2 = \frac{1 + (n_1-1) \frac{1}{4} h^2}{n_1} \sigma_P^2$$

Fonte 3 - Desempenho Médio de Um Grupo de Progenies

$$p = 1 ; n = n_2 ; a_{ii'} = \frac{1}{4} \rightarrow \sigma_{X_3}^2 = \frac{1 + (1-1)r}{n_2} + (n_2-1) \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2 = \frac{1 + (n_2-1) \frac{1}{4} h^2}{n_2} \sigma_P^2$$

**Covariâncias Fenotípicas - Matriz P**

$$\sigma_{X_iX_j} = a_{ij} \sigma_A^2 = a_{ij} h^2 \sigma_P^2$$

$$a_{12} = \frac{1}{4} \text{ (meio-irmãos)} \rightarrow \sigma_{X_1X_2} = \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2$$

$$a_{13} = \frac{1}{2} \text{ (progênie x pai)} \rightarrow \sigma_{X_1X_3} = \frac{1}{2} h^2 \sigma_P^2$$

$$a_{23} = \frac{1}{8} \text{ (tio x sobrinho)} \rightarrow \sigma_{X_2X_3} = \frac{1}{8} h^2 \sigma_P^2$$

**Covariâncias Genéticas - Vetor G**

$$\sigma_{X_i A_u} = a_{iu} \sigma_A^2 = a_{iu} h^2 \sigma_P^2$$

$$a_{11} = 1 \text{ [animal avaliado e a fonte 1 são os mesmos]} \rightarrow \sigma_{X_1 A_u} = h^2 \sigma_P^2$$

$$a_{12} = \frac{1}{4} \text{ [animal avaliado e a fonte 2 são meio-irmãos]} \rightarrow \sigma_{X_2 A_u} = \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2$$

$$a_{13} = \frac{1}{2} \text{ [animal avaliado e a fonte 3 são pai e filho]} \rightarrow \sigma_{X_3 A_u} = \frac{1}{2} h^2 \sigma_P^2$$

Substituindo-se as variâncias e covariâncias nas equações do índice, tem-se:

$$\begin{array}{ccc} & P & b & G \\ \left[ \begin{array}{ccc} \sigma_P^2 & \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2 & \frac{1}{2} h^2 \sigma_P^2 \\ \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2 & \frac{1 + (n_1 - 1) \frac{1}{4} h^2}{n_1} \sigma_P^2 & \frac{1}{8} h^2 \sigma_P^2 \\ \frac{1}{2} h^2 \sigma_P^2 & \frac{1}{8} h^2 \sigma_P^2 & \frac{1 + (n_2 - 1) \frac{1}{4} h^2}{n_2} \sigma_P^2 \end{array} \right] \begin{array}{c} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{array} = \begin{array}{c} h^2 \sigma_P^2 \\ \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2 \\ \frac{1}{2} h^2 \sigma_P^2 \end{array} \end{array}$$

Multiplicando Por  $(\sigma_P^2)^{-1}$

$$\begin{array}{ccc} & P & b & G \\ \left[ \begin{array}{ccc} 1 & \frac{1}{4} h^2 & \frac{1}{2} h^2 \\ \frac{1}{4} h^2 & \frac{1 + (n_1 - 1) \frac{1}{4} h^2}{n_1} & \frac{1}{8} h^2 \\ \frac{1}{2} h^2 & \frac{1}{8} h^2 & \frac{1 + (n_2 - 1) \frac{1}{4} h^2}{n_2} \end{array} \right] \begin{array}{c} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{array} = \begin{array}{c} h^2 \\ \frac{1}{4} h^2 \\ \frac{1}{2} h^2 \end{array} \end{array}$$

**Equações Finais do Índice Proposto**

---


$$b = P^{-1}G$$

**Equações do índice Proposto**

Substituindo-se  $h^2$ ,  $n_1$  e  $n_2$  por seus valores, nas equações finais do índice proposto, tem-se

$$\begin{array}{c}
 P \\
 \left[ \begin{array}{ccc}
 1 & 0,25 \times 0,30 & 0,5 \times 0,30 \\
 0,25 \times 0,30 & \frac{1+(6-1) \times 0,25 \times 0,30}{6} & 0,125 \times 0,30 \\
 0,25 \times 0,30 & 0,125 \times 0,30 & \frac{1+(10-1) \times 0,25 \times 0,30}{10}
 \end{array} \right]
 \end{array}
 \begin{array}{c}
 b \\
 \left[ \begin{array}{c}
 b_1 \\
 b_2 \\
 b_3
 \end{array} \right]
 \end{array}
 =
 \begin{array}{c}
 G \\
 \left[ \begin{array}{c}
 0,30 \\
 0,25 \times 0,30 \\
 0,50 \times 0,30
 \end{array} \right]
 \end{array}$$

Executando-se as operações matemáticas na matriz

$$\begin{array}{c}
 P \\
 \left[ \begin{array}{ccc}
 1,0000 & 0,0750 & 0,1500 \\
 0,0750 & 0,2292 & 0,0375 \\
 0,1500 & 0,0375 & 0,1675
 \end{array} \right]
 \end{array}
 \begin{array}{c}
 b \\
 \left[ \begin{array}{c}
 b_1 \\
 b_2 \\
 b_3
 \end{array} \right]
 \end{array}
 =
 \begin{array}{c}
 G \\
 \left[ \begin{array}{c}
 0,3000 \\
 0,0750 \\
 0,1500
 \end{array} \right]
 \end{array}$$

**Solução**  $b = P^{-1}G$

$$P^{-1} = \left[ \begin{array}{ccc}
 1,1656335 & 0,2186460 & -0,9949000 \\
 0,2186460 & 4,5699068 & -0,8227311 \\
 -0,9949000 & -0,8273110 & 7,0463235
 \end{array} \right] \quad [\text{Uso de software apropriado}]$$

$$\begin{array}{c}
 P^{-1} \\
 \left[ \begin{array}{ccc}
 1,1656335 & -0,2186460 & -0,9949000 \\
 -0,2186460 & 4,5699068 & -0,8227311 \\
 -0,9949000 & -0,8273111 & 7,0463235
 \end{array} \right]
 \end{array}
 \begin{array}{c}
 G \\
 \left[ \begin{array}{c}
 0,300 \\
 0,075 \\
 0,150
 \end{array} \right]
 \end{array}
 =
 \begin{array}{c}
 b \\
 \left[ \begin{array}{c}
 0,184 \\
 0,153 \\
 0,696
 \end{array} \right]
 \end{array}
 \rightarrow$$

$$I_a = 0,184X_1 + 0,153X_2 + 0,696X_3$$

**Cálculo da Acurácia**

---

$$Acurácia = r_{IA} = \sqrt{\sum b_i a_{i\alpha}} = \sqrt{b_1 \times a_{1\alpha} + b_2 \times a_{2\alpha} + b_3 \times a_{3\alpha}}$$

$$b = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0,184 \\ 0,153 \\ 0,696 \end{bmatrix} \quad a_{1\alpha} = 1 ; \quad a_{2\alpha} = \frac{1}{4} ; \quad a_{3\alpha} = \frac{1}{2}$$

$$r_{IA} = \sqrt{0,184 \times 1 + 0,153 \times \frac{1}{4} + 0,696 \times \frac{1}{2}} = \sqrt{0,5725} = 0,76$$

Notar que os valores de acurácia foram: 0,55 (valor fenotípico individual), 0,56 (desempenho individual + um meio irmão), 0,58 (desempenho individual + média de seis meio-irmãos) e, agora, 0,76 (desempenho individual + média de seis meio-irmãos + média de 10 progênies).

*Mérito Genético dos Candidatos à Seleção*

**Índice Proposto**

$$I_{\alpha} = 0,184X_1 + 0,153X_2 + 0,697X_3$$


---

**Valores Genéticos(índices) dos Coelhoos**

$$I_{C1} = 0,184(50,0) + 0,153(-57,2) + 0,696(56,6) = + 39,8$$

$$I_{C2} = 0,184(-100) + 0,153(126,1) + 0,696(111,6) = + 78,6$$

$$I_{C3} = 0,184(-300) + 0,153(206,1) + 0,696(-93,4) = - 88,7$$

$$I_{C4} = 0,184(-300) + 0,153(292,8) + 0,696(-38,4) = - 37,1$$

$$I_{C5} = 0,184(200) + 0,153(-415,5) + 0,696(91,6) = + 37,0$$

$$I_{C6} = 0,184(100) + 0,153(-152,2) + 0,696(-128,2) = - 94,1$$

*Classificação dos Candidatos à Seleção de Acordo com o Método de Predição Genética*

Classificação	Método*			
	A	B	C	D
	Acc = 0,55	Acc = 0,56	Acc = 0,58	Acc = 0,76
1	C5	C1	C2	C2
2	C6	C6	C1	C1
3	C1	C2	C6	C5
4	C2	C5	C4	C4
5	C3	C3	C3	C3
6	C4	C4	C5	C6

A = Desempenho individual

B = Desempenho individual + Desempenho de um meio-irmão

C = Desempenho individual + Média de seis meio-irmãos

D = Desempenho individual + Média de seis meio-irmãos + Média de 10 progênie

*Machos Selecionados*

Classificação	Coelho	Índice
<b>1</b>	<b>C2</b>	<b>78,6</b>
<b>2</b>	<b>C1</b>	<b>38,8</b>
3	C5	37,0
4	C4	-37,1
5	C3	-88,7
6	C6	-94,1

***Equação do Ganho Genético Esperado***

$$\Delta G = i r_{IA} \sqrt{h^2} \sigma_P$$

***Intensidade Seletiva***

$$p = \frac{2}{6} = 0,33 \rightarrow i_s = 1,10 \quad \text{Assumindo } i_q = 0, \quad i = \frac{1,10 + 0}{2} = 0,55$$

$$r_{IA} = 0,76 ; h^2 = 0,30 ; \sigma_P = 384g$$

***Ganho Genético Esperado***

$$\Delta G = i r_{IA} \sqrt{h^2} \sigma_P = 0,55 \times 0,76 \times \sqrt{0,30} \times 384g = 87,9g \quad [63,4g; 64,8g; 67,1g]$$



*Resposta à Seleção Dependendo do Método de Predição Genética*

Observar que, para os mesmos parâmetros populacionais, a resposta à seleção saiu de 63,4g na seleção com base no desempenho individual, passando para 64,8g na seleção pelo índice baseado no valor individual + um meio-irmão, subiu para 67,1 g na seleção pelo valor individual + média de seis meio-irmãos e chegou a 87,9 na seleção com base no índice de três fontes (valor individual + média de seis meio-irmãos + média da progênie).

**5. Construção de Índice de Seleção com Quatro Fontes: Desempenho Individual + Média de  $n_1$  Meio-Irmãos Paternos + Média de  $n_2$  Meio-Irmãos Maternos + Média de  $n_3$  Progênies**

*Selecionar Dois Coelhos em Seis Disponíveis*

*Baseado no Valor Fenotípico Individual + Média de 10 Meio-Irmãos Paternos*

*+ Média de 2 Meio-Irmãos Maternos + Média de 10 Progênies*

Coelhos Candidatos à Seleção							
	1	2	3	4	5	6	Média
Peso	1.950	1.800	1.600	1.600	2.100	2.000	1.841,7
Desvio	108,3	-41,7	-241,7	-241,7	258,3	158,3	-
Pesos dos Meio-Irmãos Paternos Correspondentes							
1	1.950	2.050	2.100	1.800	1.550	1.380	
2	1.900	2.250	2.350	2.600	1.750	950	
3	2.000	2.100	1.980	2.200	1.650	1.400	
4	1.750	1.800	2.000	1.950	1.550	2.250	
5	1.900	2.200	1.950	2.400	1.350	2.300	
6	1.600	1.800	2.300	2.250	1.100	2.250	
7	1.980	2.320	1.870	1.860	2.000	2.100	
8	1.880	1.460	1.990	1.540	1.720	2.140	
9	1.100	1.300	1.000	1.900	2.050	2.000	Média
10	1.680	1.680	2.120	2.020	1.800	2.900	Geral
Média	1.774,0	1.896,0	1.966,0	2.052,0	1.652,0	1.967,0	1.884,5
Desvio	<b>-110,5</b>	11,5	81,5	167,5	-232,5	82,5	-
Pesos dos Meio-Irmãos Maternos Correspondentes							
1	900	2.000	1.980	2.450	2.800	2.700	Média
2	1.450	1.100	1.670	1.200	2.100	2.400	Geral
Média	1.175,0	1.550,0	1.825,0	1.825,0	2.450,0	2.550,0	1.895,8
Desvio	-720,8	-345,8	-70,8	-70,8	554,2	654,2	-

Peso de Coelhos Machos na 10ª Semana de Vida

GC*	Coelhos Candidatos à Seleção						Geral
	1	2	3	4	5	6	
	Peso da Respectiva Progenie						
1	1.700	1.500	1.400	2.250	2.200	1.250	GC1
	2.500	1.800	2.000	2.350	2.150	1.600	
	1.800	1.850	1.050	1.000	1.850	2.500	
	1.950	2.800	900	1.700	1.100	1.050	
	2.450	2.000	1.200	2.450	2.250	2.050	
Média	2.080	1.990	1.310	1.950	1.910	1.690	1.821,7
Desvio	258,3	168,3	-511,7	128,3	88,3	-131,3	-
2	1.250	2.400	2.100	1.300	2.100	2.100	GC2
	1.200	2.400	2.150	2.300	1.950	1.000	
	1.650	1.050	2.000	1.350	1.400	1.450	
	2.250	2.200	1.650	2.100	1.450	2.000	
	1.900	1.200	2.700	900	2.550	1.800	
Média	1.650	1.850	2.120	1.590	1.890	1.670	1.795,0
Desvio	-145,0	55,0	325,0	-205,0	95,0	-125,0	-
Desvio_m	56,6	111,6	-93,4	-38,4	91,6	-128,2	-

\*GC=Grupo Contemporâneo

$$I_a = b_1X_1 + b_2X_2 + \dots + b_kX_k$$

**Equações Gerais do Índice**

$$\begin{matrix} & P & & b & & G \\ \begin{bmatrix} \sigma_{X_1}^2 & \sigma_{X_1X_2} & \dots & \sigma_{X_1X_k} \\ \sigma_{X_2X_1} & \sigma_{X_2}^2 & \dots & \sigma_{X_2X_k} \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ \sigma_{X_kX_1} & \sigma_{X_kX_2} & \dots & \sigma_{X_k}^2 \end{bmatrix} & & & \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \dots \\ b_k \end{bmatrix} & = & \begin{bmatrix} \sigma_{X_1A_a} \\ \sigma_{X_2A_a} \\ \dots \\ \sigma_{X_kA_a} \end{bmatrix} \end{matrix}$$

Em que  $k$ , é o número de fontes de informação

**Índice Proposto**

$$I_u = b_1X_1 + b_2X_2 + b_3X_3 + b_4X_4$$

	<b>P</b>		<b>b</b>		<b>G</b>		
[	$\sigma_{X_1}^2$	$\sigma_{X_1X_2}$	$\sigma_{X_1X_3}$	$\sigma_{X_1X_4}$	]	=	]
	$\sigma_{X_2X_1}$	$\sigma_{X_2}^2$	$\sigma_{X_2X_3}$	$\sigma_{X_2X_4}$			
	$\sigma_{X_3X_1}$	$\sigma_{X_3X_2}$	$\sigma_{X_3}^2$	$\sigma_{X_3X_4}$			
	$\sigma_{X_4X_1}$	$\sigma_{X_4X_2}$	$\sigma_{X_4X_3}$	$\sigma_{X_4}^2$			
			$b_1$	$b_2$	$b_3$	$b_4$	
							$\sigma_{X_1A_u}$
							$\sigma_{X_2A_u}$
							$\sigma_{X_3A_u}$
							$\sigma_{X_4A_u}$

**[Equações do Índice Proposto]**

**Variâncias Fenotípicas**

$$\sigma_{X_i}^2 = \frac{1 + (p-1)r}{p} + (n-1) a_{ii'} h^2 \sigma_P^2$$

**Fonte 1:  $X_1$  = Valor Fenotípico do Próprio Candidato à Seleção**

$$p = 1 \text{ e } n = 1 \rightarrow \sigma_{X_1}^2 = \frac{1 + (1-1)r}{1} + (1-1) a_{ii'} h^2 \sigma_P^2 \rightarrow \sigma_{X_1}^2 = \sigma_P^2$$

**Fonte 2:  $X_2$  = Média de Meio-Irmãos Paternos**

$$p = 1 ; n = n_1 ; a_{ii'} = \frac{1}{4} \rightarrow \sigma_{X_2}^2 = \frac{1 + (1-1)r}{n_1} + (n_1-1) \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2 \rightarrow \sigma_{X_2}^2 = \frac{1 + (n_1-1) \frac{1}{4} h^2}{n_1} \sigma_P^2$$

**Fonte 3:  $X_3$  = Média de Meio-Irmãos Maternos**

$$p = 1 ; n = n_2 ; a_{ii'} = \frac{1}{4} \rightarrow \sigma_{X_3}^2 = \frac{1 + (1-1)r}{n_2} + (n_2-1) \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2 \rightarrow \sigma_{X_3}^2 = \frac{1 + (n_2-1) \frac{1}{4} h^2}{n_2} \sigma_P^2$$

**Fonte 4:  $X_4$  = Média de progênie**

$$p = 1 ; n = n_3 ; a_{ii'} = \frac{1}{4} \rightarrow \sigma_{X_4}^2 = \frac{1 + (1-1)r}{n_3} + (n_3-1) \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2 \rightarrow \sigma_{X_4}^2 = \frac{1 + (n_3-1) \frac{1}{4} h^2}{n_3} \sigma_P^2$$

**Covariâncias Fenotípicas**

$$\sigma_{X_i X_j} = a_{ij} \sigma_A^2 = a_{ij} h^2 \sigma_P^2$$

$$a_{12} = \frac{1}{4} \quad [\text{Meio-Irmãos Paternos}] \quad \rightarrow \quad \sigma_{X_1 X_2} = \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2$$

$$a_{13} = \frac{1}{4} \quad ([\text{Meio-Irmãos Maternos}] \quad \rightarrow \quad \sigma_{X_1 X_3} = \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2$$

$$a_{14} = \frac{1}{2} \quad [\text{Pai x Progenie}] \quad \rightarrow \quad \sigma_{X_1 X_4} = \frac{1}{2} h^2 \sigma_P^2$$

$$a_{23} = 0 \quad (\bar{X}_{PHS} \text{ versus } \bar{X}_{MHS}) \quad \rightarrow \quad \sigma_{X_2 X_3} = 0$$

$$a_{24} = \frac{1}{8} \quad (\bar{X}_{PHS} \text{ versus } \bar{X}_{PROGÊNIE}) \quad \rightarrow \quad \sigma_{X_2 X_4} = \frac{1}{8} h^2 \sigma_P^2 \quad [\text{Tio x Sobrinho}]$$

$$a_{34} = \frac{1}{8} \quad (\bar{X}_{MHS} \text{ versus } \bar{X}_{PROGÊNIE}) \quad \rightarrow \quad \sigma_{X_3 X_4} = \frac{1}{8} h^2 \sigma_P^2 \quad [\text{Tia x Sobrinho}]$$

**Covariâncias Genéticas**

$$\sigma_{X_i A_\alpha} = a_{i\alpha} \sigma_A^2 = a_{i\alpha} h^2 \sigma_P^2$$

$$a_{11} = 1 \quad (\text{animal avaliado é o mesmo da fonte 1})$$

$$a_{12} = \frac{1}{4} \quad (\text{animal avaliado e a fonte 2 são meio-irmãos paternos})$$

$$a_{13} = \frac{1}{4} \quad (\text{animal avaliado e a fonte 3 são meio-irmãos maternos})$$

$$a_{14} = \frac{1}{2} \quad (\text{animal avaliado e a fonte 4 são pai e filho})$$

$$\sigma_{X_1 A_\alpha} = h^2 \sigma_P^2 ; \quad \sigma_{X_2 A_\alpha} = \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2 ; \quad \sigma_{X_3 A_\alpha} = \frac{1}{4} h^2 \sigma_P^2 ; \quad \sigma_{X_4 A_\alpha} = \frac{1}{2} h^2 \sigma_P^2$$

*Equações Finais do Índice*

$$I_{\alpha} = b_1X_1 + b_2X_2 + b_3X_3 + b_4X_4$$

Substituindo-se os valores das variâncias e covariâncias nas equações do índice proposto e multiplicando-se os dois membros por  $(\sigma_p^2)^{-1}$  tem-se :

$$\begin{array}{c}
 \mathbf{P} \\
 \left[ \begin{array}{cccc}
 1 & \frac{1}{4}h^2 & \frac{1}{4}h^2 & \frac{1}{2}h^2 \\
 \frac{1}{4}h^2 & \frac{1 + (n_1-1) \frac{1}{4}h^2}{n_1} & 0 & \frac{1}{8}h^2 \\
 \frac{1}{4}h^2 & 0 & \frac{1 + (n_2-1) \frac{1}{4}h^2}{n_2} & \frac{1}{8}h^2 \\
 \frac{1}{2}h^2 & \frac{1}{8}h^2 & \frac{1}{8}h^2 & \frac{1 + (n_3-1) \frac{1}{4}h^2}{n_3}
 \end{array} \right]
 \end{array}
 \begin{array}{c}
 \mathbf{b} \\
 \left[ \begin{array}{c}
 b_1 \\
 b_2 \\
 b_3 \\
 b_4
 \end{array} \right]
 \end{array}
 =
 \begin{array}{c}
 \mathbf{G} \\
 \left[ \begin{array}{c}
 h^2 \\
 \frac{1}{4}h^2 \\
 \frac{1}{4}h^2 \\
 \frac{1}{2}h^2
 \end{array} \right]
 \end{array}$$

**[Equações Finais do Índice]**

Substituindo-se  $n_1$ ,  $n_2$ ,  $n_3$  e  $h^2$  por seus valores, tem-se

$$\begin{array}{c}
 \mathbf{P} \\
 \left[ \begin{array}{cccc}
 1 & \frac{1}{4} \times 0,30 & \frac{1}{4} \times 0,30 & \frac{1}{2} \times 0,30 \\
 \frac{1}{4} \times 0,30 & \frac{1 + (10-1) \frac{1}{4} \times 0,30}{10} & 0 & \frac{1}{8} \times 0,30 \\
 \frac{1}{4} \times 0,30 & 0 & \frac{1 + (2-1) \frac{1}{4} \times 0,30}{2} & \frac{1}{8} \times 0,30 \\
 \frac{1}{2} \times 0,30 & \frac{1}{8} \times 0,30 & \frac{1}{8} \times 0,30 & \frac{1 + (10-1) \frac{1}{4} \times 0,30}{10}
 \end{array} \right]
 \end{array}
 \begin{array}{c}
 \mathbf{b} \\
 \left[ \begin{array}{c}
 b_1 \\
 b_2 \\
 b_3 \\
 b_4
 \end{array} \right]
 \end{array}
 =
 \begin{array}{c}
 \mathbf{G} \\
 \left[ \begin{array}{c}
 0,30 \\
 \frac{1}{4} \times 0,30 \\
 \frac{1}{4} \times 0,30 \\
 \frac{1}{2} \times 0,30
 \end{array} \right]
 \end{array}$$

**Processando-se as Operações Matemáticas . . .**

$$\begin{array}{cccc}
 & & \mathbf{P} & & \mathbf{b} & & \mathbf{G} \\
 \left[ \begin{array}{cccc}
 1.0000 & 0.0750 & 0.0750 & 0.1500 \\
 0.0750 & 0.1675 & 0.0000 & 0.0375 \\
 0.0750 & 0.0000 & 0.5375 & 0.0375 \\
 0.1500 & 0.0375 & 0.0375 & 0.1675
 \end{array} \right] & \begin{array}{c} \\ \\ \\ \\ \end{array} & \begin{array}{c} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \end{array} & = & \begin{array}{c} \\ \\ \\ \\ \end{array} & \begin{array}{c} \\ \\ \\ \\ \end{array} & \begin{array}{c} 0,3000 \\ 0.0750 \\ 0.0750 \\ 0.1500 \end{array}
 \end{array}$$

**Solução**

**$b = P^{-1}G$**

$$\mathbf{P}^{-1} = \begin{bmatrix} 1.1746831 & -0.3109050 & -0.0968870 & -0.9606580 \\ -0.3109050 & 6.3727326 & 0.1254562 & -1.1763960 \\ -0.0968870 & 0.1254562 & 1.8995608 & -0.3665980 \\ -0.9606580 & -1.1763960 & -0.3665980 & 7.1758869 \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{b} = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1.1746831 & -0.3109050 & -0.0968870 & -0.9606580 \\ -0.3109050 & 6.3727326 & 0.1254562 & -1.1763960 \\ -0.0968870 & 0.1254562 & 1.8995608 & -0.3665980 \\ -0.9606580 & -1.1763960 & -0.3665980 & 7.1758869 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0,3000 \\ 0.0750 \\ 0.0750 \\ 0.1500 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0,1777 \\ 0.2176 \\ 0.0678 \\ 0.6725 \end{bmatrix}$$

**$I_{\alpha} = 0,1777X_1 + 0.2176X_2 + 0.0678X_3 + 0.6725X_4$**

### *Semelhança Entre os Elementos da Diagonal da Matriz*

Os elementos da diagonal da matriz, referentes a  $X_2$ ,  $X_3$  e  $X_4$ , são todos iguais, exceto no que concerne ao número de observações (n) de cada um. Todas as três fontes de informação correspondem à variância da média de meio-irmãos. Embora o elemento  $X_4$  (fonte 4) seja a média da progênie, a progênie de cada indivíduo é composta de meio irmãos.

### *Meio-irmãos Paternos x Meio-irmãos Maternos*

A covariância entre  $X_2$  e  $X_3$  é 0 (zero). Meio-irmãos paternos e meio-irmãos maternos não são aparentados entre si.

### *Cálculo do valor Genético dos Coelhos Candidatos à Seleção*

<b>Índice Estabelecido</b>	
$I_{\alpha} = 0,1777X_1 + 0,2176X_2 + 0,0678X_3 + 0,6725X_4$	
-----	
<b>Valores Genéticos (Índices) dos Coelhos</b>	
$I_{C1}$	$= 0,1777(108,3) + 0,2176(-110,5) + 0,0678(-720,8) + 0,6725(56,6) = -15,6$
$I_{C2}$	$= 0,1777(-41,7) + 0,2176(11,5) + 0,0678(-345,8) + 0,6725(111,6) = +46,7$
$I_{C3}$	$= 0,1777(-241,7) + 0,2176(81,5) + 0,0678(-70,8) + 0,6725(-93,4) = -92,8$
$I_{C4}$	$= 0,1777(-241,7) + 0,2176(167,5) + 0,0678(-70,8) + 0,6725(-38,4) = -37,1$
$I_{C5}$	$= 0,1777(258,3) + 0,2176(-232,5) + 0,0678(554,4) + 0,6725(91,6) = +94,5$
$I_{C6}$	$= 0,1777(158,3) + 0,2176(82,5) + 0,0678(654,4) + 0,6725(-128,2) = +4,1$

Machos Selecionados		
Classificação	Coelho	Índice
1	C5	94,5
2	C2	46,7
3	C6	4,1
4	C1	-15,6
5	C4	-37,1
6	C3	-92,8

**Acurácia**

$$I_{\alpha} = 0,1777X_1 + 0,2176X_2 + 0,0678X_3 + 0,6725X_4 \rightarrow b = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0,1777 \\ 0,2176 \\ 0,0678 \\ 0,6725 \end{bmatrix}$$

$$a_{1\alpha} = 1, \quad a_{2\alpha} = \frac{1}{4}, \quad a_{3\alpha} = \frac{1}{4} \quad e \quad a_{4\alpha} = \frac{1}{2}$$

$$\text{Acurácia} = r_{IA} = \sqrt{\sum b_i a_{i\alpha}} = \sqrt{b_1 \times a_{1\alpha} + b_2 \times a_{2\alpha} + b_3 \times a_{3\alpha} + b_4 \times a_{4\alpha}} \rightarrow$$

$$r_{IA} = \sqrt{0,1777 \times 1 + 0,2176 \times \frac{1}{4} + 0,0678 \times \frac{1}{4} + 0,6725 \times \frac{1}{2}} = \sqrt{0,585} = 0,77$$

**Equação da Resposta à Seleção**

$$\Delta G = i r_{IA} \sqrt{h^2} \sigma_p$$

**Intensidade Seletiva**

$$p = \frac{2}{6} = 0,33 \rightarrow i_{\sigma} = 1,10 \quad \text{Assumindo } i_{\varphi} = 0, \rightarrow i = \frac{1,10 + 0}{2} = 0,55$$

**Parâmetros Populacionais**

$$i = 0,55 ; \quad r_{IA} = 0,77 ; \quad h^2 = 0,30 ; \quad \sigma_p = 384g$$

**Cálculo da Resposta à Seleção**

$$\Delta G = i r_{IA} \sqrt{h^2} \sigma_p = 0,55 \times 0,77 \times \sqrt{0,30} \times 384g = 89,1g$$

Observar que a acurácia deste índice (0,77) contra 0,76 do índice anterior (três fontes). Ou seja, a média de dois meio-irmãos não contribui praticamente nada para o índice. Neste índice, a fonte 3 era a média de 10 meio-irmãos paternos contra média de seis no índice anterior (com três fontes). Mesmo assim, a contribuição para a acurácia foi praticamente nula.

A alteração no ganho genético do índice proposto com três fontes para o índice com quatro fontes foi muito pequena (1,2 g a mais). A contribuição da média de dois meio-irmãos materno foi muito pequena.



*Ênfase Proporcional das Diferentes Fontes de Informação,  
Assumindo Coeficiente de Herdabilidade = 0,30 (Bourdon, 1997)*

1. Utilizando Somente Dados de Pedigree								
Número de Registros de Desempenho				Ênfase Proporcional				Acc
ind	phs	mhs	progênie	ind	phs	mhs	progênie	
0	10	2	0	0,00	0,76	0,24	0,00	0,38
0	200	2	0	0,00	0,87	0,13	0,00	0,52
0	400	4	0	0,00	0,80	0,20	0,00	0,52

2. Utilizando Desempenho Fenotípico Individual + Pedigree								
Número de Registros de Desempenho				Ênfase Proporcional				Acc
ind	phs	mhs	prog	ind	phs	mhs	progênie	
1	1	0	0	0,85	0,15	0,00	0,00	0,56
1	6	0	0	0,55	0,45	0,00	0,00	0,58
1	10	2	0	0,71	0,22	0,07	0,00	0,61
1	200	2	0	0,54	0,40	0,06	0,00	0,67

3. Utilizando Desempenho Fenotípico Individual + Pedigree + Progênie								
Número de Registros de Desempenho				Ênfase Proporcional				Acc
ind	phs	mhs	progênie	ind	phs	mhs	progênie	
1	6	0	10	0,18	0,15	0,00	0,67	0,76
1	10	2	10	0,30	0,09	0,03	0,58	0,77
1	200	2	10	0,27	0,20	0,03	0,50	0,79
1	10	2	200	0,03	0,01	0,00	0,96	0,97
1	200	2	200	0,03	0,02	0,00	0,95	0,97

## ***Correlação Ambiental***

Membros de uma mesma família podem ser tratados de forma similar. Por exemplo, filhos de um determinado touro em um mesmo rebanho, irmãos completos, membros de uma mesma ninhada etc. O grau de semelhança fenotípica entre membros de uma mesma família é dado pela correlação entre eles ( $t$ ), que leva em conta os efeitos genéticos e de ambiente permanente. Por exemplo,  $t_{FS} = \frac{1}{2}h^2 + c^2$  em que  $c^2$  é a proporção da variância fenotípica que é devida aos efeitos de ambiente comum aos 2 membros de uma mesma família. Esses valores, nestes casos, precisam ser incluídos na equação de predição.

## ***Fatores Que Influenciam o Progresso Genético***

1. Intensidade de seleção (a quantidade de seleção praticada).
2. Acurácia da predição dos valores genéticos (a confiabilidade das avaliações).
3. Variância genética aditiva na população (a magnitude das diferenças genéticas existentes entre os animais).
4. Intervalo de gerações (a rapidez com que animais mais jovens substituem seus pais).

A superioridade dos valores genéticos médios dos indivíduos selecionados, em relação aos indivíduos disponíveis para a seleção, depende dos três primeiros fatores acima citados enquanto que o ganho genético anual depende também do intervalo de gerações. Calculando-se os fatores acima para vários programas de seleção, pode-se determinar o programa que fornece o melhor ganho anual.

## ***Intensidade de Seleção***

Quanto maior a intensidade de seleção, mais rápido será o progresso genético. A seleção de machos é normalmente mais intensa porque menor número de machos do que de fêmeas é necessário como pais da próxima geração.

A intensidade de seleção é uma medida relativa de quanto a média do grupo selecionado é maior do que a média da população de onde os indivíduos foram escolhidos.

## ***Acurácia***

Depende da quantidade e do tipo de informação na qual a avaliação é baseada.

- a. Desempenho do próprio indivíduo (um registro ou vários?)
- b. Desempenho da progênie (quantas?)
- c. Uso de várias fontes simultaneamente.

A acurácia depende do valor da herdabilidade da característica, do número de registros de produção disponível do animal e/ou de parentes.

## ***Variância Genética***

É essencial para que a seleção seja efetiva. Se os animais fossem geneticamente iguais, não haveria progresso genético mesmo que a intensidade de seleção fosse alta. A variância genética é, no entanto, inerente à população e, por isso, difícil de ser alterada. Algumas características têm pouca variação e outras são muito variáveis. Como visto anteriormente, a equação de ganho genético depende do desvio-padrão aditivo que é a raiz quadrada da variância genética aditiva.  $\Delta G = i r_{IA} \sigma_A = i r_{IA} \sqrt{h^2 \sigma_P}$

### Intervalo de Gerações

Alguns fatores tendem a aumentar o intervalo de gerações, entre eles a baixa fertilidade, o atraso na maruridade sexual, longo período de gestação ou a necessidade de muitos registros de produção para tornar o animal elegível à seleção. Se o intervalo de gerações aumenta, o progresso genético diminui. Métodos de seleção que aumentam a acurácia, como o teste de progênie, aumentam o intervalo de gerações. Existe um mínimo fisiológico que, uma vez atingido, torna-se difícil diminuir.

### Ajuste para os Efeitos Não genéticos

O modelo para uma característica quantitativa pode ser representado como:  $P_{ij} = \mu + G_i + PE_i + TE_{ij}$  em que:

$P_{ij}$  = j-ésimo registro de produção do i-ésimo animal

$\mu$  = média geral, representando o valor médio dos genes que todos os animais da população têm em comum, mais a média dos efeitos ambientais (efeitos fixos e aleatórios de ambiente).

$G_i = A_i + D_i + I_i$ , representa os efeitos associados ao genótipo dos animais

$E_i$  = soma dos efeitos de ambiente que afetam de forma permanente o desempenho do i-ésimo animal (efeito permanente do ambiente)

$TE_{ij}$  = soma dos efeitos aleatórios de ambiente que afetam apenas a j-ésima produção do i-ésimo animal (efeito temporário do ambiente). Se a característica só pode ser medida uma vez na vida do animal, o modelo se reduz a  $p_i = \mu + G_i + E_i$

Sendo:

$G_i$  como definido anteriormente, e

$E_i$  = soma dos efeitos aleatórios do ambiente afetando o registro de produção do animal.

A predição do valor genético de um animal para uma determinada característica envolve a utilização de registros de produção do próprio animal e de parentes, cada um recebendo uma ponderação adequada. Registros de produção de animais com parentesco próximo (pai, mãe, irmão e progênie) recebem maior peso do que as informações de desempenho de animais com parentesco mais distante. Logicamente os animais com parentesco mais próximo têm mais genes idênticos por descendência do que aqueles com parentesco mais distante e por isso a informação sobre eles é mais confiável.

### Ajuste

Efeitos ligados ao manejo ou outros não genéticos identificáveis (sexo, idade da mãe, estação e ano de nascimento etc) necessitam ser minimizados para que a comparação entre animais seja feita em condições de igualdade. Considere-se, por exemplo, o modelo:

$$P_i = \mu^* + GM + Idade_{animal} + Sexo + Anos + Estação + Idade_{mãe} + G_i + E_i$$

Em que:

$\mu^*$  = a média dos valores genéticos mais os efeitos ambientais aleatórios da população.

GM = Grupo de Manejo (nível de manejo)

Idade<sub>animal</sub> = idade do animal quando este teve seu desempenho medido

Sexo = sexo

Ano = o ano de nascimento do animal; Estação = a estação de nascimento.

Idade<sub>mãe</sub> = a idade da mãe ao parto

Este modelo pode ser reescrito como:  $P_i = \mu + G_i + E_i$

sendo:  $\mu = \mu^* + \text{Sexo} + \text{Ano} + \text{Estação} + \text{Idademaes}$

A correção para os efeitos fixos é portanto obtida por:

No modelo após o ajuste,  $X_i = P_i - \mu$

Ou seja,  $X_i = G_i + E_i$

### **Exercícios Propostos**

1. Por quê a predição do valor genético utilizando múltiplas fontes de informação é computacionalmente mais complexa do que a predição usando apenas uma fonte?

2. Um touro está sendo avaliado para a predição do mérito genético com base em uma grande quantidade de dados de progênie. Qual é a importância do seu próprio desempenho como fonte de informação nessa avaliação?

3. Em que condições a metodologia de índices de seleção pode ser utilizada e em situação não pode ser utilizada para a predição do mérito genético dos indivíduos?

4. Um touro jovem está sendo avaliado geneticamente para peso à desmama.

a. As informações utilizadas são:

i. peso à desmama do próprio touro ( $X_1$ )

ii. peso à desmama de vários meio-irmãos paternos ( $X_2$ )

iii. peso à desmama de alguns meio-irmãos maternos ( $X_3$ )

iv. peso à desmama de algumas progênies ( $X_4$ )

b. O índice de seleção utilizado para a predição genética é, então:

$$I = b_1X_1 + b_2X_2 + b_3X_3 + b_4X_4$$

c. Os coeficientes de regressão (bs) foram estimados pelos procedimentos teóricos de índice de seleção e estão relacionados abaixo:

$$b_1 = 0,169; \quad b_2 = 0,500; \quad b_3 = 0,075; \quad b_4 = 0,625$$

d. Os dados de desempenho, expressos como desvios das médias dos grupos contemporâneos são:

$$X_1 = 128; \quad X_2 = 22; \quad X_3 = 35; \quad X_4 = 26$$

Pede-se:

i. calcular o valor genético (índice) do touro

ii. calcular a acurácia da predição genética

## ***Predição Genética Com Base em Modelos Mistos***

### **Avaliação Genética em Larga Escala**

Trata-se de uma metodologia de avaliação genética baseada na teoria dos modelos mistos (Henderson, 1963, 1975), conhecida como BLUP - Best Linear Unbiased Prediction, que, em português significa “melhor predição linear não viesada”.

### **Modelo Animal**

Na predição genética, o BLUP utiliza um modelo associado conhecido como Modelo Animal. O termo "Modelo Animal", criado por Quaas e Pollak (1980), inclui o efeito genético aditivo do animal em lugar do efeito de reprodutor, usado em metodologias anteriores. Na prática, o método de avaliação por Modelos Mistos usando esse modelo matemático passou também a ser chamado de Modelo Animal (Van Vleck e Nuñez-Domingues, 1990).

O modelo animal tem sido utilizado em todo o mundo desde a década de 1990. A avaliação genética por essa metodologia utiliza, de forma simultânea, as mesmas fontes de informação descritas nos índices de seleção (desempenho do próprio indivíduo candidato à seleção e desempenho de seus parentes). Atualmente, a seleção utilizando essas fontes de informação é chamada de “seleção pelo pedigree”, em contraposição à “seleção genômica” que se baseia na genotipagem dos animais.

### **Predição Genética Pelo BLUP**

Suponha-se que em determinada população o desempenho de cada indivíduo seja explicado pelo seguinte modelo matemático:

$$Y_{ijklmno} = \mu + F_i + A_j + E_k + S_l + I_m + a_n + m_n + p_o + e_{ijklmno}$$

Sendo:

$\mu$  = média geral

$F_i$  = efeito da i-ésima fazenda

$A_j$  = efeito do j-ésimo ano de nascimento

$E_k$  = efeito da k-ésima estação de nascimento

$S_l$  = efeito do l-ésimo sexo

$I_m$  = efeito da m-ésima classe de idade da mãe

$a_n$  = efeito do valor genético aditivo direto do n-ésimo animal

$m_n$  = efeito do valor genético aditivo materno do n-ésimo animal

$p_o$  = efeito de ambiente permanente da o-ésima mãe

$e_{ijklmno}$  = efeito residual inerente a cada observação (animal).

Em termos matriciais, o modelo acima pode ser escrito como:

$$y = X\beta + Zu + e$$

Sendo:

$y$  = vetor das variáveis dependentes

$\beta$  = vetor dos efeitos fixos

$X$  = matriz de incidência (0 ou 1) que associa  $\beta$  a  $y$

$u$  = vetor dos efeitos aleatórios

$Z$  = matriz de incidência (0 ou 1) que associa  $u$  a  $y$

$e$  = vetor dos efeitos residuais

Sob este modelo geral:

$\text{Var}(u) = G$  (matriz de variâncias e covariâncias dos efeitos em  $u$ )

$\text{Var}(e) = R$  (matriz de variâncias e covariâncias dos efeitos residuais)

$E(y) = X\beta$  e  $\text{var}(y) = V = ZGZ' + R \Rightarrow y \sim (X\beta, V)$

Na avaliação genética,

$$G = \text{var} \begin{bmatrix} a \\ m \\ p \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 \\ A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & p & 0 \end{bmatrix}$$

$\sigma_a^2$  = variância dos efeitos genéticos aditivos diretos

$\sigma_m^2$  = variância dos efeitos genéticos aditivos maternos

$\sigma_{am}$  = covariância entre efeitos genéticos aditivos diretos e maternos

$A$  = matriz de parentesco (covariância genética aditiva) entre os animais

$p$  = matriz de variâncias e covariâncias dos efeitos de ambiente permanente da mãe

$R$  = matriz de variâncias e covariâncias dos efeitos residuais

As equações de modelos mistos (Henderson, 1949) são dadas por:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & C \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} r \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

Em que:

$C$  = matriz dos coeficientes (membros do lado esquerdo)

$s$  = vetor das soluções

$r$  = vetor das somas parciais em  $y$  (membros do lado direito)

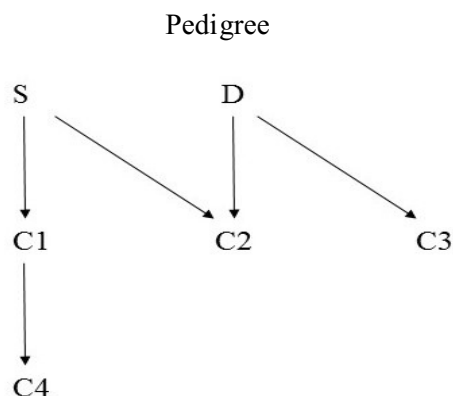
A solução do sistema é dada por  $\hat{\boldsymbol{s}} = \boldsymbol{C}^{-1}\boldsymbol{r}$

Como se pode notar, o método faz uso da inversa da matriz de (co)variâncias genéticas aditivas ou matriz de parentesco ( $A^{-1}$ ). Por esta razão, seu maior desenvolvimento se deu após o desenvolvimento de uma forma de obtenção de  $A^{-1}$  diretamente de uma lista de pedigree (Henderson, 1976; Quaas, 1976), possibilitando a aplicação da metodologia a grandes conjuntos de dados (avaliação genética em larga escala). Outro fator preponderante foi o desenvolvimento na área de computação tanto em "hardware" como em "softwares" e obtenção de algoritmos para aumentar a velocidade de processamento e diminuir a demanda de memória RAM, como é o caso do *Sparspack* (George & NG, 1984) e da *fatoração de choleski* (Boldman e Van Vleck, 1991).

A metodologia BLUP pode ser usada na avaliação genética de populações que envolvam diferentes rebanhos, tendo em vista que ela ajusta para as diferenças genéticas entre grupos contemporâneos. Além disto, apresenta solução para os efeitos fixos e para o mérito genético simultaneamente. Não exige, portanto, que os dados sejam ajustados previamente, como nos índices de seleção.

### Exemplo de Avaliação Genética Por Modelo Animal

Abaixo está representado o "pedigree" de seis animais, sendo que cinco deles têm pesagem à desmama e pertencem a dois grupos de contemporâneos. Os pesos e os grupos de contemporâneos estão na Tabela a seguir.



### Fontes de Informação

Pesos e grupos contemporâneos referentes a cinco dos seis animais da figura acima		
Animal	Peso	Grupo Contemporâneo
D	150	1
C <sub>1</sub>	165	2
C <sub>2</sub>	180	2
C <sub>3</sub>	195	2
C <sub>4</sub>	210	1

## Predição Genética Utilizando Modelos Mistos

### *Parâmetros Genéticos da População*

$$\sigma_A^2 = 120 \text{ e } \sigma_e^2 = 360 \rightarrow \sigma_p^2 = \sigma_A^2 + \sigma_e^2 = 120 + 360 = 480$$

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_p^2} = \frac{120}{480} = 0,25 \quad \text{e} \quad \lambda = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_A^2} = \frac{360}{120} = 3$$

### *Modelo Genético*

Com base nos dados apresentados (fontes de informação) pode-se estabelecer o seguinte modelo matemático:

$$Y_{ij} = GC_i + a_j + e_{ij}$$

Em que:

$Y_{ij}$  = variável dependente

$GC_i$  = efeito do  $i^{\text{ésimo}}$  grupo contemporâneo

$a_j$  = efeito genético aditivo direto do  $j^{\text{ésimo}}$  animal

$e_{ij}$  = efeito residual inerente a cada observação

### *Equações de Henderson*

O modelo  $Y_{ij} = GC_i + a_j + e_{ij}$

Em notação matricial, se transforma em,

$$y = X\beta + Zu + e$$

As equações de Henderson são:

$$\begin{bmatrix} C & & \\ X'X & X'Z & \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda & \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{s} \\ \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} r \\ X'y \\ Z'y \end{bmatrix} \quad [\text{Vide página 131}]$$

$$C\hat{s} = r$$

Em que :

$C$  = matriz dos coeficientes

$s$  = vetor das soluções

$r$  = vetor das somas parciais em  $y$

A solução do sistema é dada por:  $\hat{s} = C^{-1}r$



**Modelo Matemático Proposto**

$$Y_{ij} = GC_i + a_j + e_{ij}$$

Para o modelo acima, com apenas uma característica, efeito de GC, efeito genético aditivo direto e efeitos residuais, as matrizes e vetores são:

**Matrizes**

$$X = \begin{matrix} & GC_1 & GC_2 \\ \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \\ 0 & 1 \\ 0 & 1 \\ 1 & 0 \end{bmatrix} & & \end{matrix} \quad X' = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 1 & 1 & 0 \end{bmatrix}$$

$X'$  é a Transposta de  $X$

$$Z = \begin{matrix} & D & C_1 & C_2 & C_3 & C_4 & S \\ \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} & & \end{matrix} \quad Z' = \begin{matrix} & D & C_1 & C_2 & C_3 & C_4 & S \\ \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} & & \end{matrix}$$

$Z'$  é a transposta de  $Z$

**Vetor  $y$**

$$y = \begin{bmatrix} 150 \\ 165 \\ 180 \\ 195 \\ 210 \\ 0 \end{bmatrix}$$

Multiplicando-se as matrizes  $X$ ,  $X'Z$  e  $Z'$  pelas matrizes e vetores correspondentes, tem-se como a seguir:

*Matrizes e Vetores*

$$X'X = \begin{bmatrix} 2 & 0 \\ 0 & 3 \end{bmatrix} \quad X'Z = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$Z'X = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \\ 0 & 1 \\ 0 & 1 \\ 1 & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \quad Z'Z = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

$$X'y = \begin{bmatrix} 360 \\ 540 \end{bmatrix} \quad Z'y = \begin{bmatrix} 150 \\ 165 \\ 180 \\ 195 \\ 210 \\ 0 \end{bmatrix}$$

$$A = \begin{bmatrix} 1.0000 & 0.0000 & 0.5000 & 0.5000 & 0.0000 & 0.0000 \\ 0.0000 & 1.0000 & 0.2500 & 0.0000 & 0.5000 & 0.5000 \\ 0.5000 & 0.2500 & 1.0000 & 0.2500 & 0.1250 & 0.5000 \\ 0.5000 & 0.0000 & 0.2500 & 1.0000 & 0.0000 & 0.0000 \\ 0.0000 & 0.5000 & 0.1250 & 0.0000 & 1.0000 & 0.2500 \\ 0.0000 & 0.5000 & 0.5000 & 0.0000 & 0.2500 & 1.0000 \end{bmatrix}$$

$$A^{-1} = \begin{bmatrix} 1.8333 & 0.0000 & -1.0000 & -0.6667 & 0.0000 & 0.5000 \\ 0.0000 & 1.6667 & 0.0000 & 0.0000 & -0.6667 & -0.6667 \\ -1.0000 & 0.0000 & 2.0000 & 0.0000 & 0.0000 & -1.0000 \\ -0.6667 & 0.0000 & 0.0000 & 1.3333 & 0.0000 & 0.0000 \\ 0.0000 & -0.6667 & 0.0000 & 0.0000 & 1.3333 & 0.0000 \\ 0.5000 & -0.6667 & -1.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 1.8333 \end{bmatrix}$$

**Equações de Henderson**

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

**Matriz C [Bloco de Matrizes]**

$$\lambda = \sigma_e^2/\sigma_g^2 = 360/120 = 3$$

$$A^{-1}\lambda = \begin{bmatrix} 5.5000 & 0.0000 & -3.0000 & -2.0000 & 0.0000 & 1.5000 \\ 0.0000 & 5.0000 & 0.0000 & 0.0000 & -2.0000 & -2.0000 \\ -3.0000 & 0.0000 & 6.0000 & 0.0000 & 0.0000 & -3.0000 \\ -2.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 4.0000 & 0.0000 & 0.0000 \\ 0.0000 & -2.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 4.0000 & 0.0000 \\ 1.5000 & -2.0000 & -3.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 5.5000 \end{bmatrix}$$

$$Z'Z + A^{-1}\lambda = \begin{bmatrix} 6.5000 & 0.0000 & -3.0000 & -2.0000 & 0.0000 & 1.5000 \\ 0.0000 & 6.0000 & 0.0000 & 0.0000 & -2.0000 & -2.0000 \\ -3.0000 & 0.0000 & 7.0000 & 0.0000 & 0.0000 & -3.0000 \\ -2.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 5.0000 & 0.0000 & 0.0000 \\ 0.0000 & -2.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 5.0000 & 0.0000 \\ 1.5000 & -2.0000 & -3.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 5.5000 \end{bmatrix}$$

$$C = \begin{bmatrix} 2.0000 & 0.0000 & 1.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 1.0000 & 0.0000 \\ 0.0000 & 3.0000 & 0.0000 & 1.0000 & 1.0000 & 1.0000 & 0.0000 & 0.0000 \\ 1.0000 & 0.0000 & 6.5000 & 0.0000 & -3.0000 & -2.0000 & 0.0000 & 1.5000 \\ 0.0000 & 1.0000 & 0.0000 & 6.0000 & 0.0000 & 0.0000 & -2.0000 & -2.0000 \\ 0.0000 & 1.0000 & -3.0000 & 0.0000 & 7.0000 & 0.0000 & 0.0000 & -3.0000 \\ 0.0000 & 1.0000 & -2.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 5.0000 & 0.0000 & 0.0000 \\ 1.0000 & 0.0000 & 0.0000 & -2.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 5.0000 & 0.0000 \\ 0.0000 & 0.0000 & 1.5000 & -2.0000 & -3.0000 & 0.0000 & 0.0000 & 5.5000 \end{bmatrix}$$

**Equações de Henderson**

$$\begin{matrix}
 C & \hat{s} & r \\
 \left[ \begin{array}{cc} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda \end{array} \right] \left[ \begin{array}{c} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{array} \right] = \left[ \begin{array}{c} X'y \\ Z'y \end{array} \right]
 \end{matrix}$$

**Matriz  $C^{-1}$  e Vetor  $r$  [Solução do Sistema]**

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} 0.6664 & 0.0900 & -0.1659 & -0.0842 & -0.1014 & -0.0844 & -0.1670 & -0.0407 \\ 0.0900 & 0.4805 & -0.1052 & -0.1420 & -0.1612 & -0.1382 & -0.0748 & 0.1109 \\ -0.1659 & -0.1052 & 0.2832 & 0.0386 & 0.1426 & 0.1343 & 0.0486 & 0.0146 \\ -0.0842 & -0.1420 & 0.0386 & 0.2824 & 0.0996 & 0.0438 & 0.1298 & 0.1465 \\ -0.1014 & -0.1612 & 0.1426 & 0.0996 & 0.2948 & 0.0893 & 0.0601 & 0.1581 \\ -0.0844 & -0.1382 & 0.1343 & 0.0438 & 0.0893 & 0.2814 & 0.0344 & 0.0280 \\ -0.1670 & -0.0748 & 0.0486 & 0.1298 & 0.0601 & 0.0344 & 0.2853 & 0.0667 \\ -0.0407 & 0.1109 & 0.0146 & 0.1465 & 0.1581 & 0.0280 & 0.0667 & 0.3174 \end{bmatrix}$$

$$r = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 360 \\ 540 \\ 150 \\ 165 \\ 180 \\ 195 \\ 210 \\ 0 \end{bmatrix} \qquad C\hat{s} = r \rightarrow \hat{s} = C^{-1}r \qquad \hat{s} = \begin{bmatrix} GC1 \\ GC2 \\ VG_D \\ VG_{C1} \\ VG_{C2} \\ VG_{C3} \\ VG_{C4} \\ VG_S \end{bmatrix}$$

**Solução**

$$\begin{matrix}
 C^{-1} & r & = & \hat{s} \\
 \left[ \begin{array}{cccccccc} 0.6664 & 0.0900 & -0.1659 & -0.0842 & -0.1014 & -0.0844 & -0.1670 & -0.0407 \\ 0.0900 & 0.4805 & -0.1052 & -0.1420 & -0.1612 & -0.1382 & -0.0748 & 0.1109 \\ -0.1659 & -0.1052 & 0.2832 & 0.0386 & 0.1426 & 0.1343 & 0.0486 & 0.0146 \\ -0.0842 & -0.1420 & 0.0386 & 0.2824 & 0.0996 & 0.0438 & 0.1298 & 0.1465 \\ -0.1014 & -0.1612 & 0.1426 & 0.0996 & 0.2948 & 0.0893 & 0.0601 & 0.1581 \\ -0.0844 & -0.1382 & 0.1343 & 0.0438 & 0.0893 & 0.2814 & 0.0344 & 0.0280 \\ -0.1670 & -0.0748 & 0.0486 & 0.1298 & 0.0601 & 0.0344 & 0.2853 & 0.0667 \\ -0.0407 & 0.1109 & 0.0146 & 0.1465 & 0.1581 & 0.0280 & 0.0667 & 0.3174 \end{array} \right] \begin{bmatrix} 360 \\ 540 \\ 150 \\ 165 \\ 180 \\ 195 \\ 210 \\ 0 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 179,97 \\ 180,97 \\ -5,60 \\ -0,84 \\ -2,63 \\ 0,57 \\ 5,67 \\ -0,21 \end{bmatrix}
 \end{matrix}$$

**Diferença Esperada de Progênie (DEP)**

$$DEP = \begin{bmatrix} DEP_D \\ DEP_{C1} \\ DEP_{C2} \\ DEP_{C3} \\ DEP_{C4} \\ DEP_S \end{bmatrix} = \frac{\hat{s}}{2} = \begin{bmatrix} -2,80 \\ -0,42 \\ -1,32 \\ 0,28 \\ 2,84 \\ -0,10 \end{bmatrix}$$

**Classificação dos Animais Avaliados**

$$\begin{bmatrix} 1^\circ \\ 2^\circ \\ 3^\circ \\ 4^\circ \\ 5^\circ \\ 6^\circ \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} C4 \\ C3 \\ S \\ C1 \\ C2 \\ D \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 2,84 \\ 0,28 \\ -0,10 \\ -0,42 \\ -1,32 \\ -2,80 \end{bmatrix}$$

**Interpretação dos Resultados (DEP)**

Espera-se que os filhos do animal C<sub>4</sub>, primeiro colocado no ranking pesem, em média, 5,64kg a mais do que os filhos do animal D, último colocado.

Assume-se, todavia, que os acasalamentos sejam feitos com animais de mérito genético igual à média da população.

**Acurácia - Definição e Conceituação**

A acurácia é definida como a correlação entre o valor genético predito ( $\hat{A}$ ) e o valor genético verdadeiro (A).

Não se conhece o valor genético verdadeiro, mas pode-se calcular a sua correlação com o valor genético predito. Se a correlação entre os dois for alta, o valor genético predito será o representante confiável do valor genético verdadeiro.

**Cálculo da Acurácia**

A Acurácia é dada por:  $r_{\hat{A}A} = \sqrt{1 - \frac{VEP}{\sigma_A^2}}$

$VEP = \text{variância dos erros de predição} = \text{var}(\hat{A}-A) = C^{Z/Z} \times \sigma_e^2$

$C^{ZZ}$  é a parte de  $C^{-1}$  (inversa de C) correspondente a  $Z'Z + A^{-1}\lambda$

$\sigma_e^2$  é a variância residual e  $\sigma_A^2 = \text{variância genética aditiva da população}$

*Cálculo da Variância dos erros de Predição - VEP*

A variância dos erros de predição é dada por:  $VEP = C^{Z'Z} \times \sigma_e^2$

$C^{Z'Z}$  é a parte da inversa ( $C^{-1}$ ) correspondente ao bloco  $Z'Z$  e  $\sigma_e^2$  é a variância residual

$$VEP = Var(\hat{A}-A) = \begin{matrix} & C^{ZZ} & & & & & & \sigma_e^2 \\ \begin{bmatrix} 0.2832 & 0.0386 & 0.1426 & 0.1343 & 0.0486 & 0.0146 \\ 0.0386 & 0.2824 & 0.0996 & 0.0438 & 0.1298 & 0.1465 \\ 0.1426 & 0.0996 & 0.2948 & 0.0893 & 0.0601 & 0.1581 \\ 0.1343 & 0.0438 & 0.0893 & 0.2814 & 0.0344 & 0.2800 \\ 0.0486 & 0.1298 & 0.0601 & 0.0344 & 0.2853 & 0.0667 \\ 0.0146 & 0.1465 & 0.1581 & 0.2800 & 0.0667 & 0.3114 \end{bmatrix} & \times & 360 & \rightarrow \end{matrix}$$

$$VEP = \begin{bmatrix} 101.952 & 13.896 & 51.336 & 48.348 & 17.496 & 5.256 \\ 13.896 & 101.664 & 35.856 & 15.768 & 46.728 & 52.740 \\ 51.336 & 35.856 & 106.128 & 32.148 & 21.636 & 56.916 \\ 48.348 & 15.768 & 32.148 & 101.304 & 12.384 & 10.080 \\ 17.496 & 46.728 & 21.636 & 12.384 & 102.708 & 24.012 \\ 5.256 & 52.740 & 56.916 & 10.080 & 24.012 & 114.264 \end{bmatrix}$$

*Equação da Acurácia -  $r_{\hat{A}A}$*

Na verdade, a matriz acima é uma matriz de variâncias e covariâncias. As variâncias dos erros de predição (VEP) são os elementos da diagonal. Com base na VEP a acurácia, é dada por:

$$Acurácia = r_{\hat{A}A} = \sqrt{1 - \frac{VEP}{\sigma_A^2}}$$

*Equação da Acurácia BIF*

A Beef Improvement Federation (BIF, 1990) dos Estados Unidos usa uma derivação desta fórmula, fornecendo resultados mais conservadores. A acurácia BIF é dada por :

$$AC_{BIF} = 1 - \sqrt{\frac{VEP}{\sigma_A^2}}$$

**Acurácia ( $r_{AA}$ )**

$$Acurácia = r_{AA} = \sqrt{1 - \frac{VEP}{\sigma_A^2}}$$


---

**Animal D**

$$Acurácia = \sqrt{1 - \frac{101,952}{120}} = 0,39$$

**Animal C<sub>1</sub>**

$$Acurácia = \sqrt{1 - \frac{101,664}{120}} = 0,39$$

**Animal C<sub>2</sub>**

$$Acurácia = \sqrt{1 - \frac{106,128}{120}} = 0,34$$

**Animal C<sub>3</sub>**

$$Acurácia = \sqrt{1 - \frac{101,304}{120}} = 0,39$$

**Animal C<sub>4</sub>**

$$Acurácia = \sqrt{1 - \frac{102,708}{120}} = 0,38$$

**Animal S**

$$Acurácia = \sqrt{1 - \frac{114,264}{120}} = 0,22$$

**Cálculo da Acurácia BIF**

$$AC_{BIF} = 1 - \sqrt{\frac{VEP}{\sigma_A^2}}$$


---

**Animal D**

$$Acurácia = 1 - \sqrt{\frac{101,952}{120}} = 0,08$$

**Animal C<sub>1</sub>**

$$Acurácia = 1 - \sqrt{\frac{101,664}{120}} = 0,08$$

**Animal C<sub>2</sub>**

$$Acurácia = 1 - \sqrt{\frac{106,128}{120}} = 0,06$$

**Animal C<sub>3</sub>**

$$Acurácia = 1 - \sqrt{\frac{101,304}{120}} = 0,08$$

**Animal C<sub>4</sub>**

$$Acurácia = 1 - \sqrt{\frac{102,708}{120}} = 0,07$$

**Animal S**

$$Acurácia = 1 - \sqrt{\frac{114,264}{120}} = 0,02$$

## Resumo dos Resultados

Animal, DEP, VEP, Acurácia ( $r_{\hat{A}A}$ ) e Acurácia_BIF				
Animal	DEP(kg)	VEP	$r_{\hat{A}A}$	AC_BIF
D	-2,80	101,952	0,39	0,08
C1	-0,42	101,664	0,39	0,08
C2	-1,32	106,128	0,34	0,06
C3	0,28	101,304	0,39	0,08
C4	2,84	102,708	0,38	0,07
S	-0,10	114,264	0,22	0,02

### *Execícios Propostos*

1. Defina:

- dados de pedigree
- dados de progênie
- BLUP
- viés
- “não viesado”

2. Em relação ao ajuste dos dados para os efeitos não genéticos, qual a diferença básica entre Índice de Seleção e BLUP?

3. Por que os méritos genéticos (VG) obtidos pelo BLUP podem ser utilizado para comparar animais de rebanhos diferentes enquanto que os valores genéticos obtidos pela metodologia de índices de seleção so servem para compara animais intra-rebanhos?



# *Seleção Simultânea Para Múltiplas Características*

## **Introdução**

As características de interesse econômico, nos animais domésticos resultam quase sempre da expressão fenotípica de mais de uma atividade fisiológica. Como muitos pares de genes estão envolvidos, pode haver ligação gênica e/ou pleiotropia, gerando correlação genética, positiva ou negativa. Se duas características são negativamente correlacionadas, o progresso genético em uma delas pode levar à redução na outra. Por exemplo: a obtenção de porcas prolíferas mas produzindo pouco leite ou o aumento da produção de leite com redução da porcentagem de gordura.

A seleção para uma característica tem maior eficiência relativa do que a seleção simultânea para várias características. Na verdade, a eficiência relativa é dada por:

$$ER = \frac{1}{\sqrt{n}} \Delta G_j$$

Em que  $n$  é o número de características selecionadas simultaneamente e  $\Delta G_j$  é o progresso genético esperado para uma característica, quer dizer, para a  $j^{\text{ésima}}$  característica.

## **Seleção Direta X Seleção Indireta**

Se as características são independentes, o progresso genético provém apenas da seleção direta para cada característica o que, como se sabe, é dado por

$$\Delta G_j = i r_{IA} \sqrt{h^2} \sigma_p$$

Sendo:

$i$  = intensidade de seleção aplicada à  $j^{\text{ésima}}$  característica

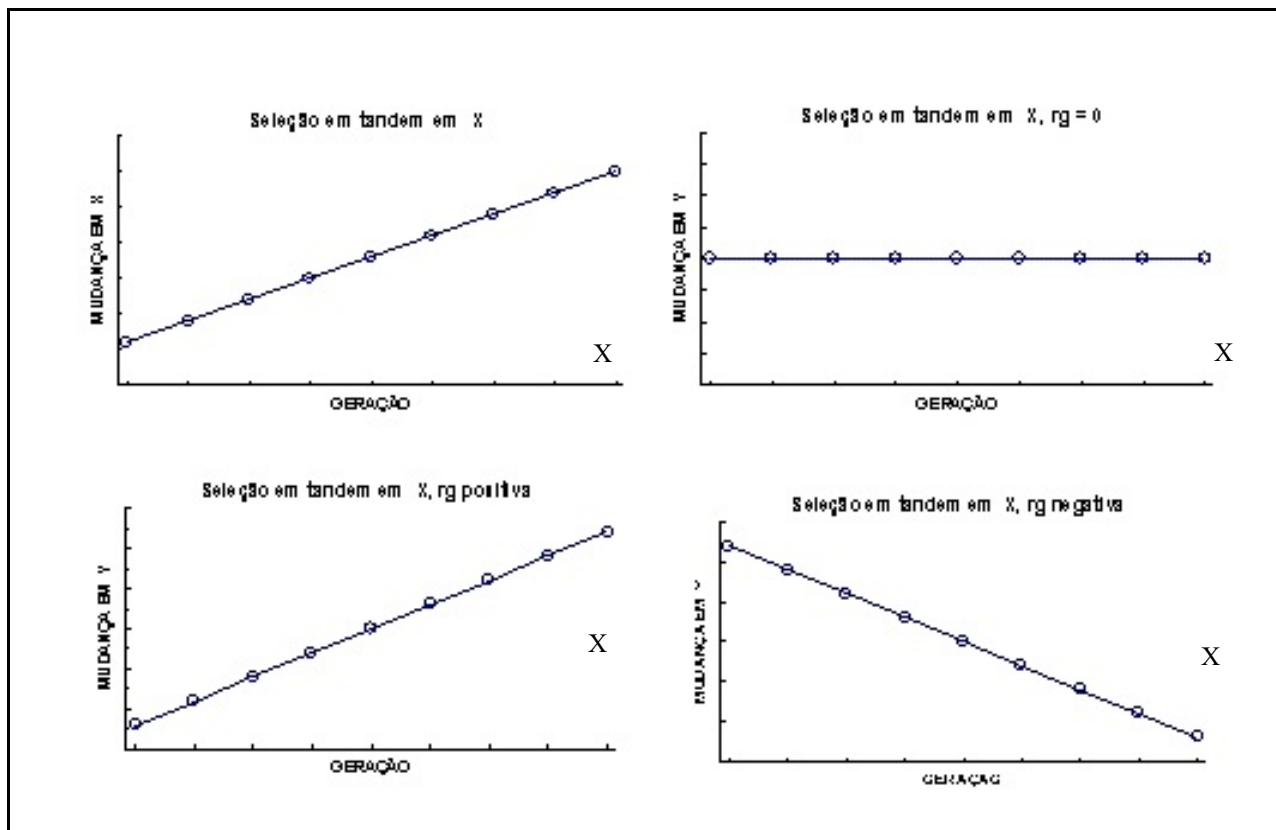
$r_{IA}$  = acurácia da predição do valor genético

$h^2$  = herdabilidade da característica

$\sigma_p$  = desvio-padrão fenotípico da característica

Se, no entanto, as características são correlacionadas, deve-se considerar o progresso genético obtido pela seleção indireta, ou seja, o progresso genético alcançado em uma característica **Y** em função da seleção na característica **X**. (figura a seguir)

## Relação Entre Duas Características



## Resposta Correlacionada - Estabelecimento da Equação

### *Resposta Correlacionada*

*Resposta correlacionada ( $c\Delta G$ ) é o ganho genético obtido em uma característica como resposta à seleção praticada em outra. Esse ganho genético é dado por:*

$$c\Delta G_Y = b_{A_Y A_X} \Delta G_X$$

*Sendo:*

$c\Delta G_Y$  = *Ganho genético obtido na característica Y decorrente da seleção em X*

$b_{A_Y A_X}$  = *Coefficiente de regressão do valor genético aditivo de Y no valor genético aditivo de X*

$\Delta G_X$  = *progresso genético (resposta à seleção) na característica X*

## Estabelecimento da Equação da Resposta Correlacionada

### Resposta à Seleção na Característica X

O ganho genético em uma característica X qualquer é dado por:

$$\Delta G_X = i r_{\hat{A}A} \sqrt{h_{(X)}^2} \sigma_{P(X)}$$

Em que,

$i$  = intensidade seletiva aplicada à característica X

$r_{\hat{A}A}$  = acurácia da predição genética na característica sob seleção (X)

$h_{(X)}^2$  = herdabilidade de X e  $\sigma_{P(X)}$  = desvio-padrão de X

### Desenvolvimento da Expressão do Coeficiente de Regressão ( $b_{A_Y A_X}$ )

$$b_{A_Y A_X} = \frac{\sigma_{A_X A_Y}}{\sigma_{A_X}^2} \text{ e } r_{A_X A_Y} = \frac{\sigma_{A_X A_Y}}{\sqrt{\sigma_{A_X}^2 \times \sigma_{A_Y}^2}} \rightarrow \sigma_{A_X A_Y} = r_{A_X A_Y} \sqrt{\sigma_{A_X}^2 \times \sigma_{A_Y}^2} = r_{A_X A_Y} \sqrt{\sigma_{A_X}^2} \sqrt{\sigma_{A_Y}^2}$$

$\sigma_{A_X A_Y}$  = Covariância genética entre as características X e Y

$r_{A_X A_Y} = r_g$  = Correlação genética entre as características X e Y

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2} \rightarrow \sigma_{A_X}^2 = h_X^2 \sigma_{P_X}^2 \text{ e } \sigma_{A_Y}^2 = h_Y^2 \sigma_{P_Y}^2; \quad r_{A_X A_Y} = r_g \rightarrow \sigma_{A_X A_Y} = r_g \sqrt{h_X^2 \sigma_{P_X}^2} \sqrt{h_Y^2 \sigma_{P_Y}^2}$$

$$\text{E, assim, } b_{A_Y A_X} = \frac{\sigma_{A_X A_Y}}{\sigma_{A_X}^2} = \frac{r_g \sqrt{h_X^2 \sigma_{P_X}^2} \sqrt{h_Y^2 \sigma_{P_Y}^2}}{h_X^2 \sigma_{P_X}^2}$$

### Equação da Resposta Correlacionada

$$c\Delta G_Y = b_{A_Y A_X} \Delta G_X$$

Substituindo-se os termos desta equação básica pelos termos desenvolvidos acima, tem-se:

$$c\Delta G_Y = \frac{r_g \sqrt{h_X^2 \sigma_{P_X}^2} \sqrt{h_Y^2 \sigma_{P_Y}^2}}{h_X^2 \sigma_{P_X}^2} i r_{\hat{A}A} \sqrt{h_X^2 \sigma_{P_X}^2} = i r_g r_{\hat{A}A} \frac{\sqrt{h_X^2 \sigma_{P_X}^2} \sqrt{h_Y^2 \sigma_{P_Y}^2}}{h_X^2 \sigma_{P_X}^2} \sqrt{h_Y^2} \sigma_{P_Y} = i r_g r_{\hat{A}A} \frac{h_X^2 \sigma_{P_X}^2}{h_X^2 \sigma_{P_X}^2} \sqrt{h_Y^2} \sigma_{P_Y} \rightarrow$$

$$c\Delta G_Y = i r_g r_{\hat{A}A} \sqrt{h_Y^2} \sigma_{P_Y} \text{ [Equação Geral da Resposta Correlacionada - Eq. 25]}$$

Em que,

$i$  = intensidade seletiva aplicada à característica X

$r_g$  = correlação genética entre as características X e Y

$r_{\hat{A}A}$  = acurácia da predição genética da característica sob seleção (X)

$h_Y^2$  = herdabilidade de Y e  $\sigma_{P_Y}$  = desvio-padrão de Y

## Seleção Fenotípica Individual na Característica X

### **Equação Específica**

O ganho genético correlacionado é dado pela equação 25:  $c\Delta G_Y = i r_g r_{\hat{A}A} \sqrt{h_Y^2} \sigma_{P_Y}$

Mas, se a característica X for selecionada com base no desempenho fenotípico individual,  $r_{\hat{A}A} = \sqrt{h_X^2}$

E, assim,

$$c\Delta G_Y = i r_g \sqrt{h_X^2 h_Y^2} \sigma_{P_Y}$$

Em que,

$i$  = intensidade seletiva aplicada à característica X

$r_g$  = correlação genética entre as características X e Y

$h_{(X)}^2$  = herdabilidade de X

$h_Y^2$  = herdabilidade de Y

$\sigma_{P_Y}$  = desvio-padrão de Y

Notar, entretanto, que a equação acima é específica para o desempenho individual. Para outras fontes ou medidas repetidas, usar a equação geral.

A equação geral pode ser usada também na seleção com base no desempenho individual, ou seja, pode ser usada para a seleção com base em qualquer fonte de informação.

Note-se que os fatores da equação determinam a magnitude da mudança. O sinal da correlação entre as características determina a direção da resposta correlacionada (aumento ou diminuição do ganho).

### **Eficiência Relativa da Seleção Indireta X Seleção Direta**

$$ER(c\Delta G_Y / \Delta G_Y) = \frac{c\Delta G_Y}{\Delta G_Y} = \frac{i r_g r_{\hat{A}A(X)} \sqrt{h_Y^2} \sigma_{P_Y}}{i r_{\hat{A}A(Y)} \sqrt{h_Y^2} \sigma_{P_Y}} = \frac{r_{\hat{A}A(X)}}{r_{\hat{A}A(Y)}} \times r_g$$

Em que:

ER = Eficiência relativa da seleção indireta em relação à direta

$r_{\hat{A}A(X)}$  = Acurácia da predição genética na característica X

$r_{\hat{A}A(Y)}$  = Acurácia da predição genética na característica Y

$r_g$  = correlação genética entre as características X e Y

## Exemplos

1. Em um rebanho de bovinos de corte, os parâmetros genéticos estimados foram:
  - a. peso à desmama (X): variância fenotípica igual a 625 kg<sup>2</sup>, herdabilidade igual a 0,30.
  - b. perímetro escrotal (Y): variância fenotípica igual a 7,84 cm<sup>2</sup>, herdabilidade igual a 0,50.
  - c. correlação genética entre as duas características igual 0,25.

Nesse rebanho, foi feito um programa de seleção para peso à desmama com base no valor fenotípico individual, ou seja, a predição genética foi feita com base no desempenho dos próprios animais avaliados. Selecionaram-se para a reprodução, 10% de machos e 40% de fêmeas. Pede-se:

- i. Calcular o ganho genético esperado para peso à desmama (resposta direta)
- ii. Calcular a mudança genética esperada no perímetro escrotal (resposta correlacionada).

### *Cálculo da Intensidade Seletiva (Em X)*

$$i = \frac{z}{p} ; S = i\sigma_p \quad e \quad \sigma_{P(X)} = \sqrt{625(\text{kg})^2} = 25\text{kg}$$

---

#### *Machos*

$$p_{\sigma} = 10\% = 0,10 \rightarrow T = 1,28 \rightarrow z = 0,1758$$

$$i_{\sigma} = \frac{z}{p_{\sigma}} = \frac{0,1758}{0,10} = 1,76$$

$$S_{\sigma} = i_{\sigma} \times \sigma_p = 1,76 \times 25\text{kg} = 44\text{kg}$$

#### *Fêmeas*

$$p_{\varphi} = 40\% = 0,40 \rightarrow T = 0,25 \rightarrow z = 0,3867$$

$$i_{\varphi} = \frac{z}{p_{\varphi}} = \frac{0,3867}{0,40} = 0,97$$

$$S_{\varphi} = i_{\varphi} \times \sigma_p = 0,97 \times 25\text{kg} = 24\text{kg}$$

#### *Geral*

$$i = \frac{i_{\sigma} + i_{\varphi}}{2} = \frac{1,76 + 0,97}{2} = 1,36$$

**Ganho Genético no Peso à Desmama (X)**

Seleção praticada na característica X, resposta obtida na mesma característica. O ganho genético direto é dado pela equação geral:  $\Delta G_X = i r_{AA} \sqrt{h^2 \sigma_{P_X}}$

**Seleção Com Base no Desempenho Fenotípico Individual**

Como a seleção foi feita com base no desempenho fenotípico individual,  $r_{AA} = \sqrt{h^2} \rightarrow$

$$\Delta G_X = i \sqrt{h^2} \sqrt{h^2 \sigma_{P(X)}} \rightarrow \Delta G_X = i h^2 \sigma_{P(X)}$$

$$i_X = 1,36 ; \quad h_X^2 = 0,30 \quad e \quad \sigma_{P(X)} = \sqrt{625 (kg)^2} = 25 \text{ kg} \rightarrow$$

$$\Delta G_X = i h^2 \sigma_{P(X)} = 1,36 \times 0,30 \times 25 \text{ kg} = 10,2 \text{ kg}$$

**Conclusão**

A seleção proposta (10% dos machos e 40% das fêmeas) representa uma intensidade seletiva ( $i$ ) = 1,36 desvio-padrão, para peso à desmama.

Com a intensidade seletiva acima calculada e para os parâmetros genéticos assumidos, seria esperado um aumento de 10,2 kg na média do peso à desmama.

**Ganho Genético no Perímetro Escrotal (Y)**

**Equação Geral da Resposta Correlacionada**

$$c\Delta G_Y = i r_g r_{AA} \sqrt{h_Y^2} \sigma_{P_Y}$$

**Seleção Com Base no Desempenho Fenotípico Individual**

Considerando-se que a seleção foi feita com base no desempenho fenotípico individual,  $r_{AA} = \sqrt{h_X^2} \rightarrow$

$$c\Delta G_Y = i r_g \sqrt{h_X^2} \sqrt{h_Y^2} \sigma_{P_Y} = i_X r_g \sqrt{h_X^2 h_Y^2} \sigma_{P_Y}$$

**Ganho Genético**

$$i_X = 1,36 ; \quad r_g = 0,25 ; \quad h_X^2 = 0,30 ; \quad h_Y^2 = 0,50 \quad e \quad \sigma_{P(Y)} = \sqrt{7,84(cm)^2} = 2,80 \text{ cm} \rightarrow$$

$$c\Delta G_Y = i_X r_g \sqrt{h_X^2 h_Y^2} \sigma_{P_Y} = 1,36 \times 0,25 \times \sqrt{0,30 \times 0,50} \times 2,8 \text{ cm} = 0,37 \text{ cm}$$

**Conclusão**

A seleção para peso à desmama, com a intensidade seletiva acima calculada e para os parâmetros genéticos acima apresentados, levaria a um aumento de 0,37cm na média do perímetro escrotal.

É importante ressaltar que nos dois casos acima (resposta direta e resposta correlacionada) as equações gerais poderiam ter sido usadas diretamente.

2. Uma população de bovinos de corte, composta por 3.000 machos e 36.000 fêmeas, constitui um sistema de produção em que a avaliação genética é feita por modelos mistos (BLUP). A população apresenta os seguintes parâmetros:

Característica	Média	Desvio-padrão	Herdabilidade
Perímetro Escrotal (PE)	26 cm	2,80 cm	0,49
Prenhez de Novilha (PP14)	30 %	15 %	0,49

Dessa população, foram selecionados para perímetro escrotal, 180 machos e 28.800 fêmeas. Sabendo-se que a correlação genética entre as duas características é igual a 0,29 e que a acurácia média das DEPs foi igual a 50%, calcular a média da PP14 na progênie desse acasalamento.

Resposta à Seleção - Resposta Direta

**Cálculo da Intensidade Seletiva (Em X)**

$$i = \frac{z}{p} ; S = i\sigma_p ; \sigma_{P(X)} = \sqrt{625(\text{kg})^2} = 25\text{kg}$$

$$p_\sigma = \frac{180}{3000} = 0,06 = 6\%. \quad p_\sigma = 0,06 \rightarrow T = 1,55 \rightarrow z = 0,1200 \rightarrow i_\sigma = \frac{z}{p_\sigma} = \frac{0,12}{0,06} = 2,00 \text{ (2 desvios)}$$

$$S_\sigma = i_\sigma \times \sigma_p = 2,00 \times 25\text{kg} = 50\text{kg}$$

$$p_\varphi = \frac{28800}{36000} = 0,80 \rightarrow p_\varphi = 80\% = 0,80 \rightarrow T = -0,84 \rightarrow z = 0,2803 \rightarrow i_\varphi = \frac{z}{p_\varphi} = \frac{0,2803}{0,80} = 0,35$$

$$S_\varphi = i_\varphi \times \sigma_p = 0,35 \times 25\text{kg} = 8,4\text{kg}$$

$$i = \frac{i_\sigma + i_\varphi}{2} = \frac{2,00 + 0,35}{2} = 1,175 \text{ (1,175 desvio-padrão)}$$

**Cálculo da Resposta Direta (Em X)**

$$\Delta G_X = ir_{IA} \sqrt{h^2} \sigma_{P_X} \text{ [Seleção com base em múltiplas fontes]}$$

$$i_X = 1,175 ; h_X^2 = 0,49 ; r_{IA} = Acc = 50\% = 0,50 \text{ e } \sigma_{P(X)} = \sqrt{625 (\text{kg})^2} = 25 \text{ kg}$$

$$\Delta G_X = ir_{IA} \sqrt{h^2} \sigma_{P_X} = 1,175 \times 0,5 \times \sqrt{0,49} \times 2,80 \text{ cm} = 1,15 \text{ cm}$$

**Cálculo da Resposta Correlacionada (Em Y)**

$$c\Delta G_Y = i r_g r_{IA} \sqrt{h_Y^2} \sigma_{P_Y} \text{ [Seleção com base em múltiplas fontes pelo BLUP]}$$

$$i_x = 1,175 ; r_g = 0,29 ; r_{IA} = Acc = 0,50 ; h_Y^2 = 0,49 ; \sigma_{P(Y)} = 15\%$$

$$c\Delta G_Y = i r_g r_{IA} \sqrt{h_Y^2} \sigma_{P_Y} = 1,175 \times 0,29 \times 0,5 \times \sqrt{0,49} \times 15\% = 1,8\%$$

**Média de PP14 na Progênie**

$$\mu_{PP14} = \mu_Y + c\Delta G_Y = 30\% + 1,8\% = 31,8\%$$

**Valor Genético Agregado - Objetivo de Seleção**

É o valor genético econômico, definido como a soma dos produtos do valor genético aditivo para cada característica pelo valor econômico "líquido" da característica.

$$H_i = v_1 A_{i1} + v_2 A_{i2} + \dots + v_k A_{ik}$$

$H_i$  é o valor genético total ou objetivo de seleção em unidades monetárias para o animal  $i$  (em real ou dolar, por exemplo).

$v_j$  ( $j = 1, 2, \dots, k$ ) é o valor econômico líquido por unidade da  $j$ -ésima característica de interesse econômico. Valor líquido = [valor de mercado] - [custo].

$A_{ij}$  ( $j = 1, 2, \dots, k$ ) é o valor genético aditivo do animal  $i$  para a  $j$ -ésima característica.

A seleção para o genótipo agregado é, portanto, a seleção simultânea para o conjunto das características que o compõem e corresponde, na prática, à seleção para o retorno econômico máximo proporcionado pela combinação adequada dos valores genéticos das características no genótipo agregado ( $H$ ). A adequação da combinação das características é feita com base nos seus respectivos valores econômicos.

Se uma característica não tem valor econômico, o "v" correspondente será zero e o valor genético para essa característica será eliminado da equação do valor genético agregado.

A determinação do valor econômico líquido para uma determinada característica é quase sempre difícil. Características de conformação, por exemplo, podem não ter um valor econômico direto, mas contribui para o preço de venda ou pode contribuir para a longevidade do animal. Características que têm um preço de mercado são mais fáceis de se lhes atribuir um valor econômico. Por exemplo, o aumento de 1 kg de leite/lactação ou de um ovo por ano tem um valor de mercado. Os custos de produção adicionados para produzir o kg de leite extra ou o ovo a mais poderia ser calculado de forma razoável.



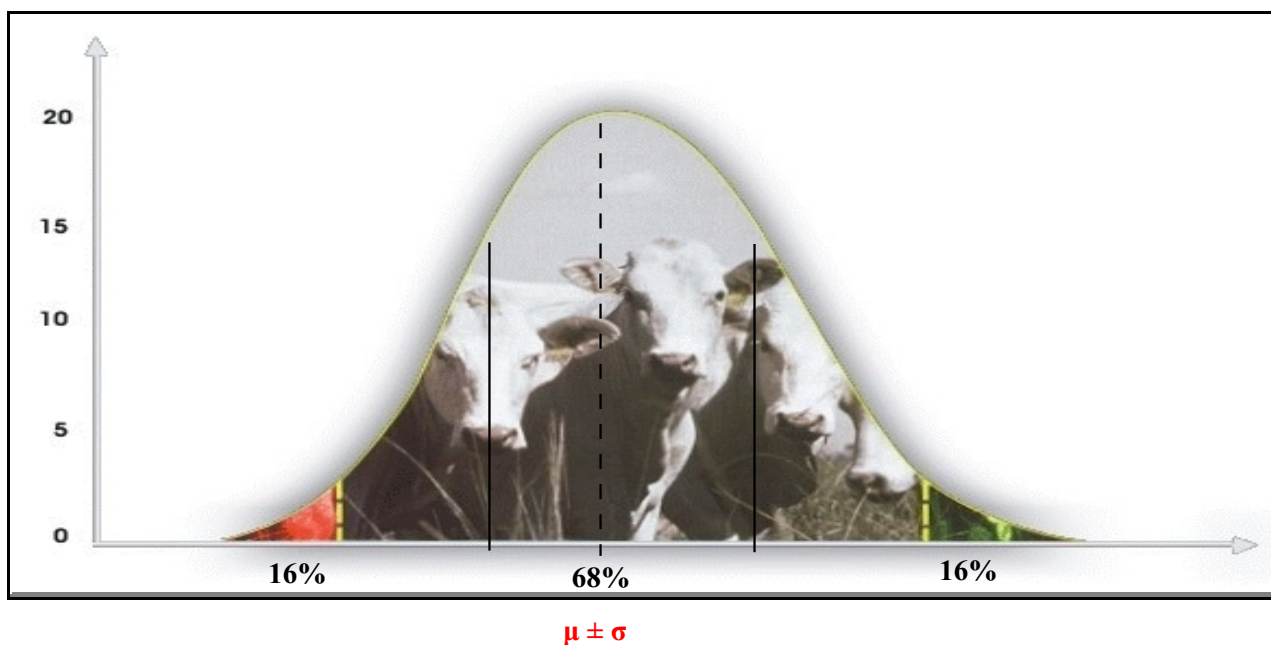
### *Valor Econômico Relativo ou Ênfase Econômica Relativa*

Diferentes características são medidas em diferentes unidades (kg, cm, ponto etc). Assim, o valor de cada uma é expresso como valor por unidade da característica. A variabilidade também é diferente para cada característica.

Sabe-se que, para uma característica com distribuição normal, 68% das observações situam-se entre a média menos um desvio-padrão e a média mais um desvio-padrão. A produção de leite tem um desvio-padrão em torno de 1.000 kg enquanto que o escore de conformação tem um desvio-padrão de 4 pontos. Desta forma, aproximadamente 16% dos registros de produção de leite são 1.000 kg ou mais acima da média da característica (produz aproximadamente 16% dos escores de conformação estão 4 pontos ou mais acima da média de confo (observar figura a seguir).

Então, a chance de seleção de animais 1.000 kg ou mais acima da média ou 4 pontos ou mais acima da média é a mesma. A ênfase econômica considera esta chance de seleção e é a razão entre o valor econômico do aumento de um desvio-padrão em uma característica e o valor econômico do aumento de um desvio-padrão na outra característica. Por exemplo, se o valor líquido do leite é de R\$ 0,50 por kg e o valor líquido de um ponto no tipo (conformação) é R\$ 250, o *valor econômico relativo seria*:  $R\$ 0,50/\text{kg} \times 1000 \text{ kg} = 500,00$  para leite e  $R\$ 250/\text{pt} \times 4 \text{ pt} = 1.000,00$  para tipo. A *ênfase relativa* “leite : tipo” seria , portanto de 1: 2 (R\$ 500 : R\$ 1.000).

#### Distribuição Normal Padronizada



## Métodos de Seleção Para Mais de Uma Característica

A seleção é feita para um agregado genotípico envolvendo simultaneamente duas ou mais características de interesse econômico. Três métodos podem ser considerados:

1. Unitário ou Tandem
2. Níveis Independentes de Rejeição
3. Índices de Seleção

### Método Unitário ou Seleção em Tandem

É um método em que uma característica é selecionada de cada vez. A característica considerada mais importante é selecionada por um determinado número de gerações. Quando o objetivo é atingido, a próxima mais importante passa a ser selecionada e assim por diante. O estabelecimento da ordem de importância das características não é simples. Deve-se ter em conta o valor econômico das características e, neste sentido, o valor por desvio-padrão genético da característica parece ser o valor econômico mais apropriado.

### Resposta à Seleção em Tandem

Se as características são independentes ( $r_g = 0$ ), o progresso genético é dado por:

$$\Delta G_j = i_j r_{IAj} \sqrt{h_j^2} \sigma_{Pj}$$

Em que,

$\Delta G_j$  = progresso genético esperado na j-ésima característica

$i_j$  = intensidade de seleção praticada na j-ésima característica

$r_{IA}$  = acurácia da predição genética

$h_j^2$  = herdabilidade da j-ésima característica

$\sigma_{Pj}$  = desvio-padrão fenotípico da j-ésima característica

Considerando que o valor fenotípico do indivíduo dependa de  $k$  características independentes, com seus respectivos valores econômicos, a resposta econômica total seria

$$\Delta H = \sum v_j \Delta G_j$$

sendo:

$v_j$  = valor econômico da j-ésima característica

$\Delta G_j$  = progresso genético na j-ésima característica

Se as características são correlacionadas, o progresso genético dependerá da magnitude e do sinal da correlação genética. Como se sabe, a resposta correlacionada na j-ésima característica para seleção na característica 1, é dada por:  $c\Delta G_j = i_1 r_{g1j} r_{IA(j)} \sqrt{h_j^2} \sigma_{Pj}$

A resposta econômica total esperada da seleção na característica **1** seria:

$$c\Delta H = \sum v_j c \Delta G_j$$

Por esta equação, a resposta econômica total ( $c\Delta H$ ) poderia ser calculada considerando a seleção para cada característica, de forma a se estabelecer a ordem de importância das características. Isto implica, no entanto, em: a) conhecimento da correlação genética; b) correlações e herdabilidades permaneçam iguais para as várias gerações de seleção intensa na característica; c) valores econômicos lineares e d) valores econômicos não mudam com o tempo.

A seleção em tandem pode também ser útil quando algumas características apresentam valor econômico não linear, ou seja, o nível da característica encontra-se abaixo do aceitável para os padrões de mercado. Por exemplo: na produção de leite, o aumento ou diminuição da taxa de gordura em torno da média tem relativamente pouco valor; todavia, se essa taxa cair abaixo do mínimo legal requerido pelo mercado, então ela passa a ser muito importante.

### **Método dos Níveis Independentes de Rejeição**

Neste método, para cada característica, uma fração dos animais remanescentes será selecionada, independentemente do mérito genético nas outras características. A principal vantagem para muitas espécies é que o método permite seguir o desenvolvimento biológico do animal. A seleção pode ocorrer em estágios correspondendo ao nível de maturidade. Por exemplo, um porco poderia ser selecionado à desmama, outra a um ano de idade e outra antes da entrada em reprodução. Esta sequência de seleção reduziria o número de animais a ser mantido do nascimento até a idade reprodutiva. Deve-se considerar, neste caso, o custo de manutenção e os preços de venda nas diferentes idades.

Em certos casos entretanto, as características a serem selecionadas não são sequenciais ao longo do período de vida e por isso, para cada característica, é estabelecido um mínimo que o animal deve atingir, eliminando-se os indivíduos que não alcançam as marcas estipuladas para todos, como por exemplo, fertilidade, resistência a doenças, temperamento e outras.

De um modo geral, estas características, ditas "de limiar" não têm um valor econômico linear, ou seja, acima do limiar de aceitação, um aumento do valor genético da característica pode ter apenas um pequeno valor econômico, mas estar abaixo do limiar é motivo de descarte, independentemente do desempenho nas outras características. Por exemplo, um touro com baixa qualidade de sêmen deve ser eliminado independentemente do seu potencial genético para ganho de peso. Os animais que sobrevivem ao descarte com base nas características de limiar, serão indexados para características de valor econômico definido (ganho de peso, produção de leite etc).

A proporção final de indivíduos selecionados pelo método dos níveis independentes de rejeição, pode ser pré-determinada, de acordo com as necessidades, mas o difícil é estabelecer as proporções para cada característica, quer dizer, é difícil estabelecer a pressão de seleção para cada característica.

Se as características não são correlacionadas e apresentam distribuição normal, a resposta esperada à seleção, para cada característica, é dada por:

$$\Delta G_j = i_j r_{IA_j} \sqrt{h^2} \sigma_{P_j}$$

Se  $v_j$  é o valor econômico da  $j$ -ésima característica, a resposta econômica total com seleção pelos níveis independentes de rejeição, para  $k$  características seria dada por:  $\Delta H = \sum v_j \Delta G_j$

Se as características forem correlacionadas, o cálculo da resposta esperada é mais complexo (veja Turner & Young, 1968).

Diferentes combinações de  $p_j$  podem ser experimentadas, e o  $\Delta H$  calculados, de modo a determinar quais proporções fornecem o maior  $\Delta H$ .

### **Método dos Índices de Seleção**

Índice de seleção é o valor resultante da ponderação adequada de duas ou mais característica, levando-se em conta a correlação genética entre elas e o valor econômico de cada uma.

O método busca estabelecer as relações entre as características produtivas mais importantes de tal forma que, pela ponderação adequada de cada uma, surja um número único (índice) que represente a estimativa do valor genético do indivíduo. Os animais serão ordenados por esse índice.

A construção do índice leva em conta, assim, a importância econômica, a variabilidade fenotípica, a variabilidade genética e a herdabilidade de cada característica, além das correlações fenotípica e genética entre as mesmas.

É o método de maior eficiência relativa e o objetivo da seleção pelo índice não é nenhuma das características especificamente, mas sim o retorno econômico proporcionado pela seleção simultânea para o conjunto de características.

### **Predição do Valor Econômico Total**

#### ***Seleção Para o Genótipo Agregado***

*Assumindo-se que o objetivo de seleção ou genótipo agregado para um animal seja definido por:*

$$H = v_1A_1 + v_2A_2 + \dots + v_kA_k$$

*Em que,*

*H = valor genético agregado para o animal*

*A<sub>1</sub> valor genético aditivo para a característica 1*

*A<sub>2</sub> valor genético aditivo para a característica 2*

*A<sub>k</sub> valor genético aditivo para a característica k*

*v<sub>i</sub> = valor econômico líquido por unidade da <sup>i</sup>ésima característica*

## Predição do Valor Econômico Total

### *Predição do Genótipo Agregado*

*A predição de H é feita pelo índice :*

$$I = b_1X_1 + b_2X_2 + \dots + b_kX_k$$

*Em que,*

*[I = E(H)] ou seja: predição do mérito genético agregado (em relação ao conjunto de características)*

*X<sub>1</sub>, X<sub>2</sub>, ..., X<sub>k</sub> são valores fenotípicos do animal para as k características, ajustados para os fatores não genéticos identificáveis*

*b<sub>1</sub>, b<sub>2</sub>, ..., b<sub>k</sub> são os fatores de ponderação para X<sub>i</sub>*

## Problemas na Determinação do Valor Econômico Total

1. A determinação dos valores econômicos para as características não é uma tarefa simples, principalmente para aquelas que não têm valor de mercado direto, como por exemplo, circunferência escrotal, temperamento ou velocidade nas pistas.
2. Há necessidade de estimar as correlações genéticas de forma acurada. Estimativas de correlações genéticas que não são próximas do valor verdadeiro, podem levar a erros na seleção.
3. A estimação do valor genético não tem 100% de acurácia, mesmo para cada característica individualmente.

## Índice de Seleção Para Múltiplas Características

### Equações Gerais do Índice

$$\begin{array}{cccc}
 & P & & b & & \text{Cov}(H_i, X_{ij}) \\
 \left[ \begin{array}{cccc}
 \sigma_{X_1}^2 & \sigma_{X_1X_2} & \dots & \sigma_{X_1X_k} \\
 \sigma_{X_1X_2} & \sigma_{X_2}^2 & \dots & \sigma_{X_2X_k} \\
 \dots & \dots & \dots & \dots \\
 \sigma_{X_1X_k} & \sigma_{X_2X_k} & \dots & \sigma_{X_k}^2
 \end{array} \right] & \left[ \begin{array}{c} b_1 \\ b_2 \\ \dots \\ b_k \end{array} \right] & = & \left[ \begin{array}{c} \text{Cov}(H_i, X_{i1}) \\ \text{Cov}(H_i, X_{i2}) \\ \dots \\ \text{Cov}(H_i, X_{ik}) \end{array} \right]
 \end{array}$$

$$\left[ \begin{array}{l}
 X_j = j^{\text{ésima}} \text{ característica}, j = 1, 2, \dots, k \\
 H_i = \text{Agregado genotípico do } i^{\text{ésimo}} \text{ animal} \\
 X_{ij} = j^{\text{ésima}} \text{ característica do } i^{\text{ésimo}} \text{ animal}
 \end{array} \right]$$

### Covariâncias

1.  $\text{Cov}(H_i, X_{i1}) = \text{Cov}[(v_1A_{i1} + v_2A_{i2} + \dots + v_kA_{ik}), (A_{i1} + R_{i1})] = v_1\sigma_{A_1}^2 + v_2\sigma_{A_1A_2} + \dots + v_k\sigma_{A_1A_k}$
2.  $\text{Cov}(H_i, X_{i2}) = \text{Cov}[(v_1A_{i1} + v_2A_{i2} + \dots + v_kA_{ik}), (A_{i2} + R_{i2})] = v_1\sigma_{A_1A_2} + v_2\sigma_{A_2}^2 + \dots + v_k\sigma_{A_2A_k}$
- k.  $\text{Cov}(H_i, X_{ik}) = \text{Cov}[(v_1A_{i1} + v_2A_{i2} + \dots + v_kA_{ik}), (A_{ik} + R_{ik})] = v_1\sigma_{A_1A_k} + v_2\sigma_{A_2A_k} + \dots + v_k\sigma_{A_k}^2$

Ou, em notação matricial,

$$\begin{array}{ccc}
 \text{Cov}(H_i, X_{ij}) & G & v \\
 \left[ \begin{array}{c} \text{Cov}(H_i, X_{i1}) \\ \text{Cov}(H_i, X_{i2}) \\ \dots \\ \text{Cov}(H_i, X_{ik}) \end{array} \right] & = & \left[ \begin{array}{cccc}
 \sigma_{A_1}^2 & \sigma_{A_1A_2} & \dots & \sigma_{A_1A_k} \\
 \sigma_{A_1A_2} & \sigma_{A_2}^2 & \dots & \sigma_{A_2A_k} \\
 \dots & \dots & \dots & \dots \\
 \sigma_{A_1A_k} & \sigma_{A_2A_k} & \dots & \sigma_{A_k}^2
 \end{array} \right] \left[ \begin{array}{c} v_1 \\ v_2 \\ \dots \\ v_k \end{array} \right]
 \end{array}$$

E, assim, as equações gerais do índice são como a seguir:

## Estabelecimento das Equações Gerais do Índice

### *Equações Gerais do Índice*

$$\begin{array}{cccc}
 & P & b & G & v \\
 \left[ \begin{array}{cccc}
 \sigma_{P_1}^2 & \sigma_{P_1P_2} & \dots & \sigma_{P_1P_k} \\
 \sigma_{P_1P_2} & \sigma_{P_2}^2 & \dots & \sigma_{P_2P_k} \\
 \dots & \dots & \dots & \dots \\
 \sigma_{P_1P_k} & \sigma_{P_2P_k} & \dots & \sigma_{P_k}^2
 \end{array} \right] & \left[ \begin{array}{c} b_1 \\ b_2 \\ \dots \\ b_k \end{array} \right] & = & \left[ \begin{array}{cccc}
 \sigma_{A_1}^2 & \sigma_{A_1A_2} & \dots & \sigma_{A_1A_k} \\
 \sigma_{A_1A_2} & \sigma_{A_2}^2 & \dots & \sigma_{A_2A_k} \\
 \dots & \dots & \dots & \dots \\
 \sigma_{A_1A_k} & \sigma_{A_2A_k} & \dots & \sigma_{A_k}^2
 \end{array} \right] & \left[ \begin{array}{c} v_1 \\ v_2 \\ \dots \\ v_k \end{array} \right]
 \end{array}$$

$$Pb = Gv$$

Sendo:

$P$  = matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas

$b$  = vetor de soluções para os fatores de ponderação das características

$G$  = matriz de variâncias e covariâncias genéticas

$v$  = vetor de valores econômicos das características

### *Solução*

A solução do sistema é dada por:

$$b = P^{-1}Gv$$

### *Exemplo de Construção de Índice de Seleção Para Múltiplas Características*

Selecionar os Quatro Melhores Bezerros Com Base em Um Índice de Seleção Para Peso à Desmama e Perímetro Escrotal

Peso dos Bezerros à Desmama

Bezerro	Grupos Contemporâneos					
	1	2	3	4	5	6
1	170	150	140	225	220	120
2	250	180	200	235	215	160
3	180	185	105	100	185	250
4	195	280	90	170	110	105
5	245	200	120	245	225	205
Média	208	199	131	195	191	168

Perímetro Escrotal à Desmama

Bezerro	Grupos Contemporâneos					
	1	2	3	4	5	6
1	17	15	14	22,5	22	12,5
2	25	18	20	23,5	21,5	16
3	18	18,5	10,5	10	18,5	25
4	19,5	28	25	17	11	10,5
5	24,5	20	12	24,5	22,5	20,5
Média	20,8	19,9	16,3	19,5	19,1	16,9



Peso dos Bezerros à Desmama - Dado como Desvio da Média do Grupo Contemporâneo

Bezerro	Grupos Contemporâneos					
	1	2	3	4	5	6
1	-38	-49	9	30	29	-48
2	42	-19	69	40	24	-8
3	-28	-14	-26	-95	-6	82
4	-13	81	-31	-25	-81	-63
5	37	1	-11	50	34	37

Perímetro Escrotal dos Bezerros - Dado como Desvio da Média do Grupo Contemporâneo

Bezerro	Grupos Contemporâneos					
	1	2	3	4	5	6
1	-3,8	-4,9	-2,3	3	2,9	-4,4
2	-4,5	-1,9	3,7	4	2,4	-0,9
3	-2,8	-1,4	-5,8	-9,5	-0,6	8,1
4	-1,3	8,1	8,7	-2,5	-8,1	-6,4
5	3,7	0,1	-4,3	5	3,4	3,6

## Construção do Índice de Seleção Para Múltiplas Características

### Índice de Seleção Para Peso à Desmama e Perímetro Escrotal

a) Calcular um índice de seleção para peso à desmama e para perímetro escrotal, considerando-se os seguintes parâmetros:

Peso à desmama = característica 1 e Perímetro escrotal = característica 2

$$\sigma_1^2 = 625 \text{ (kg)}^2 \rightarrow \sigma_1 = 25 \text{ kg} \quad e \quad \sigma_2^2 = 7,84 \text{ (cm)}^2 \rightarrow \sigma_2 = 2,80 \text{ cm}$$

$$r_{P_1P_2} = 0,70 \quad e \quad r_g = r_{A_1A_2} = 0,25 ; \quad h_1^2 = 0,30 \quad e \quad h_2^2 = 0,50$$

Ênfase de seleção PD : PE = 2 : 1

b) Com base nesse índice, selecionar os quatro melhores animais da tabela a seguir

### Resolução do Exercício

O índice proposto é:  $I = b_1X_1 + b_2X_2$  e as suas equações são:

$$\begin{matrix} P & & b & & G & & v \\ \left[ \begin{array}{cc} \sigma_{P_1}^2 & \sigma_{P_1P_2} \\ \sigma_{P_1P_2} & \sigma_{P_2}^2 \end{array} \right] & \left[ \begin{array}{c} b_1 \\ b_2 \end{array} \right] & = & \left[ \begin{array}{cc} \sigma_{A_1}^2 & \sigma_{A_1A_2} \\ \sigma_{A_1A_2} & \sigma_{A_2}^2 \end{array} \right] & \left[ \begin{array}{c} v_1 \\ v_2 \end{array} \right] \end{matrix}$$

$$Pb = Gv \rightarrow b = P^{-1}Gv$$

### Construção do Índice de Seleção

$$r_P = \frac{\sigma_{P_1P_2}}{\sqrt{\sigma_{P_1}^2 \times \sigma_{P_2}^2}} \rightarrow \sigma_{P_1P_2} = r_P \sqrt{\sigma_{P_1}^2 \times \sigma_{P_2}^2} = 0,70 \sqrt{625(\text{kg})^2 \times 7,84(\text{cm})^2} = 49 \text{ kgcm}$$

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2} \rightarrow \sigma_A^2 = h^2 \sigma_P^2 \quad \text{Ou seja,}$$

$$\sigma_{A_1}^2 = h_1^2 \sigma_{P_1}^2 = 0,30 \times 625 = 187,50(\text{kg})^2 \quad e \quad \sigma_{A_2}^2 = h_2^2 \sigma_{P_2}^2 = 0,50 \times 7,84 = 3,92(\text{cm})^2$$

$$r_g = r_{A_1A_2} = \frac{\sigma_{A_1A_2}}{\sqrt{\sigma_{A_1}^2 \times \sigma_{A_2}^2}} \rightarrow \sigma_{A_1A_2} = r_g \sqrt{\sigma_{A_1}^2 \times \sigma_{A_2}^2} = 0,25 \sqrt{187,50(\text{kg})^2 \times 3,92(\text{cm})^2} = 6,78 \text{ (kgcm)}$$

## Índice de Seleção Para Peso à Desmama e Perímetro Escrotal

### Construção do Índice de Seleção - Continuação

As equações do índice são, então:

$$\begin{matrix} & P & & b & & G & & v \\ \left[ \begin{array}{cc} 625,00 & 49,00 \\ 49,00 & 7,84 \end{array} \right] & & \left[ \begin{array}{c} b_1 \\ b_2 \end{array} \right] & = & \left[ \begin{array}{cc} 187,50 & 6,78 \\ 6,78 & 3,92 \end{array} \right] & & \left[ \begin{array}{c} 2 \\ 1 \end{array} \right] \end{matrix}$$

A solução do sistema é dada por  $b = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} = P^{-1}Gv$

$$b = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} = P^{-1}Gv$$

$$P^{-1} = \frac{1}{2499} \begin{bmatrix} 7,84 & -49,00 \\ -49,00 & 625,00 \end{bmatrix}$$

$$Gv = \begin{bmatrix} 187,50 & 6,78 \\ 6,78 & 3,92 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 2 \\ 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 381,78 \\ 17,48 \end{bmatrix}$$

$$b = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} = \frac{1}{2499} \begin{bmatrix} 7,84 & -49,00 \\ -49,00 & 625,00 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 381,78 \\ 17,48 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0,855 \\ -3,114 \end{bmatrix} \rightarrow$$

$$I = 0,855X_1 - 3,114X_2$$

Pode-se dividir os dois coeficientes parciais de regressão por 0,855 (o que não altera o ranking dos animais). Assim, o índice será:

$$I = X_1 - 3,642X_2$$

-----

Observar que  $\frac{1}{2499}$  é o valor de  $\frac{1}{\Delta}$

$\Delta$  = determinante da matriz = Produto dos elementos da diagonal principal menos o produto dos elementos da diagonal secundária.

Na matriz  $P$  acima,  $\Delta = 625 \times 7,84 - 49 \times 49 = 2499$

## Cálculo dos Índices dos Bezerras

### *Índice proposto*

$$I = X_1 - 3,642X_2$$

---

#### **Bezerras do Grupo 1**

$$BEZ 11: I = -38 - 3,642(-3,8) = -24,20 \quad BEZ 12: I = 42 - 3,642(4,5) = 25,60$$

$$BEZ 13: I = -28 - 3,642(-2,8) = -17,84 \quad BEZ 14: I = -13 - 3,642(-1,3) = -8,30$$

$$BEZ 15: I = 37 - 3,642(3,7) = 23,50$$

#### **Bezerras do Grupo 2**

$$BEZ 21: I = -49 - 3,642(-4,9) = -31,20 \quad BEZ 22: I = -19 - 3,642(-1,9) = -12,10$$

$$BEZ 23: I = -14 - 3,642(-1,4) = -8,90 \quad BEZ 24: I = 81 - 3,642(8,1) = 51,50$$

$$BEZ 25: I = 1 - 3,642(0,1) = 0,60$$

#### **Bezerras do Grupo 3**

$$BEZ 31: I = 9 - 3,642(-2,3) = -17,40 \quad BEZ 32: I = 69 - 3,642(3,7) = 55,50$$

$$BEZ 33: I = -26 - 3,642(-5,8) = -4,90 \quad BEZ 34: I = -31 - 3,642(8,7) = 62,70$$

$$BEZ 35: I = -11 - 3,642(-4,3) = 4,70$$

#### **Bezerras do Grupo 4**

$$BEZ 41: I = -30 - 3,642(3,0) = -40,90 \quad BEZ 42: I = 40 - 3,642(4,0) = 25,40$$

$$BEZ 43: I = -95 - 3,642(-9,5) = -60,40 \quad BEZ 44: I = -25 - 3,642(-2,5) = -15,90$$

$$BEZ 45: I = 50 - 3,642(5,0) = 31,80$$

#### **Bezerras do Grupo 5**

$$BEZ 51: I = 29 - 3,642(2,9) = 18,40 \quad BEZ 52: I = 24 - 3,642(2,4) = 15,30$$

$$BEZ 53: I = -6 - 3,642(-0,6) = -3,80 \quad BEZ 54: I = -81 - 3,642(-8,1) = -51,50$$

$$BEZ 55: I = 34 - 3,642(3,4) = 21,60$$

#### **Bezerras do Grupo 6**

$$BEZ 61: I = -48 - 3,642(-4,4) = -32,00 \quad BEZ 62: I = -8 - 3,642(-0,9) = -4,70$$

$$BEZ 63: I = 82 - 3,642(8,1) = 52,50 \quad BEZ 64: I = -63 - 3,642(-6,4) = -39,70$$

$$BEZ 65: I = 37 - 3,642(3,6) = 23,90$$

Classificação dos Bezerros de Acordo com o Índice

Ordem	Bezerro	Peso	PE	Índice
1	32	200	200	555
2	63	250	250	525
3	24	280	280	515
4	45	245	245	318
5	12	250	250	256
6	42	235	235	254
7	65	205	205	239
8	15	245	245	235
9	55	225	225	216
10	51	220	220	184
11	31	140	140	174
12	52	215	215	153
13	35	120	120	47
14	25	200	200	6
15	53	185	185	-38
16	62	160	160	-47
17	33	105	105	-49
18	14	195	195	-83
19	23	185	185	-89
20	22	180	180	-121
21	44	170	170	-159
22	13	180	180	-178
23	11	170	170	-242
24	21	150	150	-312
25	61	120	125	-320
26	64	105	105	-397
27	41	225	225	-409
28	54	110	110	<b>-515</b>
29	42	100	100	-604
30	34	90	250	<b>-627</b>

Animais Selecionados

Ordem	Bezerro	Peso	PE	Índice
1	32	200	200	555
2	63	250	250	525
3	24	280	280	515
4	45	245	245	318

# *Literatura Citada e Leitura Adicional*

- Albuquerque, L.G.; Mercadante, M.E.Z.; Eler, J.P. Recent Studies on the Genetic Basis For Selection of Bos indicus For Beef Production. In: Proceedings of the **8<sup>th</sup> World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (CD-ROM)**. Belo Horizonte, MG, Brazil: Permanent International Committee for World Congresses on Genetics Applied to Livestock Production, 2006. 7p. (Invited paper).
- Bertazzo, R.P.; Freitas, R.T.F.; Gonçalves, T.M. et ali. Parâmetros Genéticos de Longevidade e Produtividade de Fêmeas da Raça Nelore. **Brazilian Journal of Animal Science**. v.33, p.1118 - 1127, 2004.
- Bonin, M.N.; Ferraz, J.B.S.; Eler, J.P. et ali. Sire effects on carcass and meat quality traits of young Nelore bulls. **Genetics and Molecular Research**, v.13, p.3250 - 3264, 2014.
- Bourdon, R.M. **Understanding Animal Breeding**. Prentice Hall. Upper Saddle River, NJ 07458, 1997, 523p.
- Brumatti, R.C.; Ferraz, J.B.S.; Eler, J.P. et ali. Desenvolvimento de Índice de Seleção em Gado de Corte Sob o Enfoque de um Modelo Bioeconômico. **Archivos de Zootecnia**, v.60, p.205 - 213, 2011.
- Chapman, A.B. **General and Quantitative Genetics**. New York, Elsevier, 1985. 408p.
- Costa Neto, P.L. **Estatística**. Editora Edgard Blucher Ltda, 1977, 265p.
- Crow, J.F. & Kimura, M. **An Introduction to Population Genetics Theory**. New York, Harper & Row, 1979, 591p.
- Cuco, D.; Ferraz, J.B.S.; Eler, J.P. et ali. Genetic parameters for post-weaning traits in Braunvieh cattle. **Genetics and Molecular Research**, v.9, p.545-553, 2010.
- Dickerson, G.E. Composition of hog carcass as influenced by heritable differences in rate and economy of gain. **Iowa Agr. Exp. Sta. Bul.** 354, 1947.
- Elandt Johnson, R.C. **Probability Models and statistical Methods in Genetics**. New York, Wiley, 1971.
- Eler, J.P.; Bignardi, A.B.; Ferraz, J.B.S.; Santana, M.L. Genetic relationship among traits related to reproduction and growth of Nelore females. **Theriogenology**, v.82, 708-714, 2014.
- Eler, J.P.; Ferraz, J.B.S.; Teixeira, L.A. Seleção para precocidade sexual em novilhas de corte. In **Bovinocultura de Corte**, (Alexandre Vaz Pires, Editor). v II, p.801-811, Piracicaba, SP: FEALQ, 2010.
- Eler, J.P.; Balieiro, J.C.C.; Mattos, E.C. et ali. Genetic analysis of average annual productivity of Nelore breeding cows (COWPROD). **Genetics and Molecular Research**, v.7, p.234-242, 2008.
- Eler, J.P.; Ferraz, J.B.S.; Balieiro, J.C.C. et ali. Genetic correlation between heifer pregnancy and scrotal circumference measured at 15 and 18 month of age in Nelore cattle. **Genetics and Molecular Research**, v.5, p.569 - 580, 2006.
- Eler, J.P.; Silva, J.A.V.; Evans, J. L. et ali. Additive genetic relationship between heifer pregnancy and scrotal circumference in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.82, p.2519 - 2527, 2004.
- Eler, J.P.; Silva, J.A.V.; Ferraz, J.B.S. et ali. Genetic Evaluation of the Probability of Pregnancy at 14 Month for Nelore Heifers. **Journal of Animal Science**, v.80, 951 - 954, 2002.
- Eler, J.P.; Van Vleck, L.D.; Ferraz, J.B.S. et ali. Estimation of Variances Due to Direct and Maternal Effects for Growth Traits of Nelore Cattle. **Journal of Animal Science**, v.73, p.3253 - 3258, 1995.
- Falconer, D.S. **Introduction to Quantitative Genetics**. London, Longman Group Corp., 1981, 340p.
- Felício, A.M.; Gaya, L.G.; Ferraz, J.B.S. et ali. Heritability and genetic correlation estimates for performance, meat quality and quantitative skeletal muscle fiber traits in broiler. **Livestock Science** (Print), v.157, p.81 - 87, 2013.
- Ferraz, J.B.S.; Eler, J.P.; Rezende, F.M. Impact of using artificial insemination on the multiplication of high genetic merit beef cattle in Brazil. **Animal Reproduction**, v.9, p.133 - 138, 2012.
- Formigoni, I.B.; Ferraz, J.B.S.; Silva, J.A.V. et ali. Valores econômicos para habilidade de permanência e probabilidade de prenhez aos 14 meses em bovinos de corte. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, p.220 - 226, 2005.
- Fouley, J.P. & Lefort, G. Méthodes déstimation des effets directs et maternels em selection animale. **Ann. Génét. Sél. Anim.**, 10(3): 475-496, 1978.
- Gaya, L.G.; Ferraz, J.B.S.; Costa, A.M.M.A. et ali. Estimates of heritability and genetic correlation for meat quality traits in broilers. **Scientia Agrícola** (USP. Impresso), v.68, p.620 - 625, 2011.
- Gaya, L.G.; Ferraz, J.B.S.; Rezende, F.M. et ali. Heritability and Genetic Correlation Estimates for Performance and Carcass and Body Composition Traits in a male Broiler Line. **Poultry Science**. v.85, p.837 - 843, 2006.
- Gianoni, M.A. & Gianoni, M.L. **Genética e Melhoramento dos Rebanhos nos Trópicos**. São Paulo, Nobel, 1983, 460p.

- Guimarães, J.D.; Guimarães, S.E.F.; Siqueira, J.B. Seleção e manejo reprodutivo de touros zebu. *Revista Brasileira de Zootecnia. Brazilian Journal of Animal Science*, v.40, p.379 - 388, 2011.
- Hartl, D.L. & Clark, A.G. **Princípios de Genética de Populações**. 4ª Edição. ART MED Editora, Porto Alegre, RS, 2007, 659p.
- Henderson, C.R. Rapid Method for computing the inverse of a relationship matrix. *Journal of Dairy Science*, 58:1727, 1975.
- Henderson, C.R. Selection index and expected genetic advance. In: **Statistical Genetics and Plant Breeding**. NAS-NRC 982: 141-163, 1963.
- Johanson, I & Rendel, J. **Genética y Mejora Animal**. Zaragoza, Acribia, 1972.
- Kemphorn, O. **Introduction to Genetic Statistics**. New York, Wiley, 1957.
- Lasley, J.F. **Genetics of Livestock Improvement**. Prentice Hall, NJ, 1978, 492p.
- Li, CC. **First Course in Population Genetics**. Pacif Grove (California). The Boxwood Press, 1976, 631p.
- Lush, J.L. **Melhoramento Genético dos Animais Domésticos**. Rio de Janeiro, USAID, 1945.
- Marcondes, C.R.; Bergman, J.A.; Eler, J.P. et ali. Análise de alguns critérios de seleção para características de crescimento na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v.52, p.83 - 89, 2000.
- Marcondes, C.R.; Eler, J.P.; Ferraz, J.B.S. et ali. Fatores de ajuste do peso à desmama segundo a idade da vaca ao parto, em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. , v.50, p.625 - 631, 1998.
- Mourão, G.B.; Ferraz, J.B.S.; Eler, J.P. et ali. Genetic parameters for growth traits of a Brazilian Bos taurus x Bos indicus beef composite. **Genetics and Molecular Research**. 6(4): 1190-1200, 2007
- Mrode, R.A. **Linear Models for the prediction of Animal Breeding Values**. CAB International, 1996.
- Nicholas, F.W. **Introdução à Genética Veterinária**. ART MED Editora, Porto Alegre, RS, 2011, 347p.
- Oliveira Júnior, G.A. Eler, J.P. Ramírez-Díaz et ali. Inclusion of weaning management group as a random effect in the genetic evaluation of post weaning traits in Nelore cattle. **Tropical Animal Health and Production**, v.82, 1031-1036, 2014.
- Oliveira Júnior, G.A.; Eler, J.P.; Ferraz, J.B.S. et ali. Definição de grupos genéticos aditivos visando melhor predição de valores genéticos em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.14, p.277 - 286, 2013.
- Paula, G.G.; Ferraz, J.B.S.; Eler, J.P. Parâmetros Genéticos para coelhos da raça Califórnia criados no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v.52, p.544 - 548, 2000.
- Pedrosa, V.B.; Groenveld, E. Eler, J.P. et ali. Comparison of bivariate and multivariate joint analyses on the selection loss of beef cattle. **Genetics and Molecular Research**, v.13, p.4036 - 4045, 2014.
- Pedrosa, V.B.; Eler, J.P.; Ferraz, J.B.S. et ali. Parâmetros genéticos do peso adulto e características de desenvolvimento ponderal na raça Nelore. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal (UFBA)**, v.11, p.104-113, 2010.
- Pereira, E.; Oliveira, H.N.; Eler, J.P. et ali. Comparison among three methods for evaluation of sexual precocity in Nelore cattle. **Animal Science. British Society of Animal Science**, v.1, p.411 - 418, 2007.
- Pereira, E.; Oliveira, H.N.; Eler, J.P. et ali. Use of survival analysis as a tool for the genetic improvement of age at first conception in Nelore cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**. v.123, p.64 - 71, 2006.
- Pereira, E.; Eler, J.P.; Ferraz, J.B.S. et ali. Análise genética de características reprodutivas na raça Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.80, 951-954, 2002.
- Pereira, E.; Eler, J.P.; Ferraz, J.B.S. Análise genética de algumas características reprodutivas e de suas relações com desempenho ponderal na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v.53, p.720 - 727, 2001.
- Pereira, E.; Eler, J.P.; Ferraz, J.B.S. Correlação Genética entre perímetro escrotal e algumas características reprodutivas na raça Nelore. **Brazilian Journal of Animal Science**. v.29, p.1660 - 1667, 2000.
- Pereira, J.C. **Melhoramento Genético Aplicado à produção Animal**. FEP-MVZ Editora, Belo Horizonte, 2012, 758p..
- Pirchner, F. **Population Genetics in Aimal Breeding**. London, Plenum Press, 1983.
- Pires, A.V. (Editor). **Bovinocultura de Corte**. Volume I . FEALQ, 2010, 760p.
- Pires, A.V. (Editor). **Bovinocultura de Corte**. Volume II . FEALQ, 2010, 750p.
- Rosa, A.N.; Martins, E.N.; Menezes, G.R.O. et ali. **Melhoramento Genético Aplicado em Gado de Corte: Programa Genepus-Embrapa**, 2013, 241p.
- Santana, M.L.: Eler, J.P.; Cardoso, F.F. et ali. Genotype by environment interaction for post-weaning weight gain, scrotal circumference, and muscling score of composite beef cattle in different regions of Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v.13, p.3048 - 3059, 2014.
- Santana, M.L.: Eler, J.P. Ferraz, J.B.S. et ali. Alternative contemporary group structure to maximize the use of field records: Application to growth traits of composite beef cattle. **Livestock Science (Print)**, v.157, p.20 - 27, 2013.
- Santana, M.L.: Eler, J.P.; Bignardi, A.B. et ali. Genetic associations among average annual productivity, growth traits, and stayability: A parallel between Nelore and composite beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.91, p.2566 - 2574, 2013.

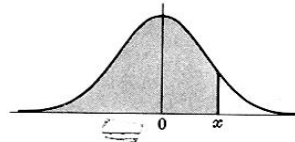
- Santana, M.L.: Eler, J.P.; Cucco, D.C et ali. Genetic associations between hip height, body conformation scores, and pregnancy probability at 14 months in Nelore cattle. **Livestock Science** (Print), v.154, p.13 - 18, 2013.
- Santana, M.L.: Bignardi, A.B.; Eler, J.P. et ali. Genotype by environment interaction and model comparison for growth traits of Santa Ines sheep. **Journal of Animal Breeding and Genetics** (1986), v.30, p.394 - 403, 2013.
- Santana, M.L.: Eler, J.P. Ferraz, J.B.S. et ali. Genetic relationship between growth and reproductive traits in Nelore cattle. **Animal** (Cambridge. Print), v.6, p.565 - 570, 2012.
- Santana, M.L.: Oliveira, P.S.; Eler, J.P. et ali. Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and Bonsmara breeds. **Journal of Animal Science**, v.90, p.99 - 108, 2012.
- Searle, S.R. **Matrix Algebra**. John Willey & Sons, 1966, 296p.
- Searle, S.R. **Linear Models**. John Willey & Sons, 1971, 532p.
- Searle, S.R.; Casela, G.; McCulloch, E. **Variance Components**. John Willey & Sons.
- Silva, M.R.; Pedrosa, V.B. Borges-Silva, J. et ali. Genetic parameters for scrotal circumference, breeding soundness examination and sperm defects in young Nelore bulls. **Journal of Animal Science**, v.91, p.4611 - 4616, 2013.
- Silva, M.R.; Pedrosa, V.B.; Borges-Silva, J. et ali. Parámetros genéticos de las características andrológicas en la especie bovina. **Archivos de Medicina Veterinaria** (Impresa). v.44, p.1 - 11, 2012.
- Silva, M.R.; Pedrosa, V.B.; Borges-Silva, J. et ali. Testicular traits as a selection criteria for young Nelore bulls. **Journal of Animal Science**, v.89, p.2061 - 2067, 2011.
- Silva, J.A.V.; Formigoni, I.B.; Eler, J.P. et ali. Genetic relationship among stayability, scrotal circumference and post-weaning weight in Nelore cattle. **Livestock Production Science**, v.99, p.51 - 59, 2006.
- Silva, J.A.V.; Eler, J.P.; Ferraz, J.B.S. et ali. Heritability Estimate for Stayability in Nelore Cows. **Livestock Production Science**, 79: 97 - 101, 2003.
- Silva, R.G. **Métodos de Genética Quantitativa Aplicados ao Melhoramento Genético Animal**. Ribeirão Preto, Sociedade Brasileira de Genética, 1982, 162p.
- Siqueira, J.B.; Oba, R.O. ; Pinho, H.P. et ali. Heritability Estimate and Genetic Correlations of Reproductive Features in Nelore Bulls, Offspring of Super Precocious, Precocious and Normal Cows Under Extensive Farming Conditions. **Reproduction in Domestic Animals** (1990), v.47, p.313 - 318, 2012.
- Spiegel, M.R. **Manual de Fórmulas e Tabelas Matemáticas**. Coleção Schaaum. McGraw-Hill, 1973.
- Strickberger, M.W. **Genetics**. New York, MacMillan Publishing Company, 1985, 842 p.
- Van Melis, M.H.; Figueiredo, L.G.G; OLIVEIRA, H.N. et ali. Quantitative genetic study of age at subsequent rebreeding in Nelore cattle by using survival analysis. **Genetics and Molecular Research**, v.13 (2): p.4071 - 4082 , 2014.
- Van Melis, M.H.; OLIVEIRA, H.N.; ELER, J. P. et ali. Additive genetic relationship of longevity with fertility and production traits in Nelore cattle based on bivariate models. **Genetics and Molecular Research**, v.9, p.176-187, 2010.
- Van Melis, M.H.; ELER, J. P.; Rosa, G.J.M. et ali. Additive Genetic Relationships between Scrotal Circumference, Heifer Pregnancy, and Stayability in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.88, p.3809-3813, 2010.
- Van Melis, M.H.; Eler, J.P.; Oliveira, H.N. et ali. Study of stayability in Nelore cows using a threshold model. **Journal of Animal Science**, v.85, p.1780 - 1786, 2007.
- Van Vleck, L. D.; Pollack, E.J. ; Oltenacu, E.A.B. **Genetics for the animal Sciences**. New York, W.H. Freeman and Company, 1987, 391p.
- Van Vleck, L.D. **Selection Index and Introduction to Mixed Models Methods**. CRC Press, Boca Raton, FL, 1993.
- Warwick, E.J. Legates, J.E. **Breeding and Improvement of Farm Animals**. New York, McGraw Hill, 1979, 624p.
- Willham, R.L. The covariance between relatives for characters composed of components contributed by related individuals. **Biometrics**, 19: 18-26, 1963.



# Tabelas Estatísticas

TABELA 1: Áreas Delimitadas Pela Curva Normal Standard

$$\text{erf}(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \int_{-\infty}^x e^{-t^2/2} dt$$

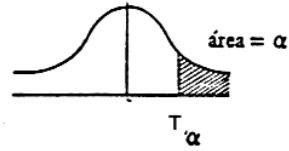


x	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9
0,0	0,5000	0,5040	0,5080	0,5120	0,5160	0,5199	0,5239	0,5279	0,5319	0,5359
0,1	0,5398	0,5438	0,5478	0,5517	0,5557	0,5596	0,5636	0,5675	0,5714	0,5754
0,2	0,5793	0,5832	0,5871	0,5910	0,5948	0,5987	0,6026	0,6064	0,6103	0,6141
0,3	0,6179	0,6217	0,6255	0,6293	0,6331	0,6368	0,6406	0,6443	0,6480	0,6517
0,4	0,6554	0,6591	0,6628	0,6664	0,6700	0,6736	0,6772	0,6808	0,6844	0,6879
0,5	0,6915	0,6950	0,6985	0,7019	0,7054	0,7088	0,7123	0,7157	0,7190	0,7224
0,6	0,7258	0,7291	0,7324	0,7357	0,7389	0,7422	0,7454	0,7486	0,7518	0,7549
0,7	0,7580	0,7612	0,7642	0,7673	0,7704	0,7734	0,7764	0,7794	0,7823	0,7852
0,8	0,7881	0,7910	0,7939	0,7967	0,7996	0,8023	0,8051	0,8078	0,8106	0,8133
0,9	0,8159	0,8186	0,8212	0,8238	0,8264	0,8289	0,8315	0,8340	0,8365	0,8389
1,0	0,8413	0,8438	0,8461	0,8485	0,8508	0,8531	0,8554	0,8577	0,8599	0,8621
1,1	0,8643	0,8665	0,8686	0,8708	0,8729	0,8749	0,8770	0,8790	0,8810	0,8830
1,2	0,8849	0,8869	0,8888	0,8907	0,8925	0,8944	0,8962	0,8980	0,8997	0,9015
1,3	0,9032	0,9049	0,9066	0,9082	0,9099	0,9115	0,9131	0,9147	0,9162	0,9177
1,4	0,9192	0,9207	0,9222	0,9236	0,9251	0,9265	0,9279	0,9292	0,9306	0,9319
1,5	0,9332	0,9345	0,9357	0,9370	0,9382	0,9394	0,9406	0,9418	0,9429	0,9441
1,6	0,9452	0,9463	0,9474	0,9484	0,9495	0,9505	0,9515	0,9525	0,9535	0,9545
1,7	0,9554	0,9564	0,9573	0,9582	0,9591	0,9599	0,9608	0,9616	0,9625	0,9633
1,8	0,9641	0,9649	0,9656	0,9664	0,9671	0,9678	0,9686	0,9693	0,9699	0,9706
1,9	0,9713	0,9719	0,9726	0,9732	0,9738	0,9744	0,9750	0,9756	0,9761	0,9767
2,0	0,9772	0,9778	0,9783	0,9788	0,9793	0,9798	0,9803	0,9808	0,9812	0,9817
2,1	0,9821	0,9826	0,9830	0,9834	0,9838	0,9842	0,9846	0,9850	0,9854	0,9857
2,2	0,9861	0,9864	0,9868	0,9871	0,9875	0,9878	0,9881	0,9884	0,9887	0,9890
2,3	0,9893	0,9896	0,9898	0,9901	0,9904	0,9906	0,9909	0,9911	0,9913	0,9916
2,4	0,9918	0,9920	0,9922	0,9925	0,9927	0,9929	0,9931	0,9932	0,9934	0,9936
2,5	0,9938	0,9940	0,9941	0,9943	0,9945	0,9946	0,9948	0,9949	0,9951	0,9952
2,6	0,9953	0,9955	0,9956	0,9957	0,9959	0,9960	0,9961	0,9962	0,9963	0,9964
2,7	0,9965	0,9966	0,9967	0,9968	0,9969	0,9970	0,9971	0,9972	0,9973	0,9974
2,8	0,9974	0,9975	0,9976	0,9977	0,9977	0,9978	0,9979	0,9979	0,9980	0,9981
2,9	0,9981	0,9982	0,9982	0,9983	0,9984	0,9984	0,9985	0,9985	0,9986	0,9986
3,0	0,9987	0,9987	0,9987	0,9988	0,9988	0,9989	0,9989	0,9989	0,9990	0,9990
3,1	0,9990	0,9991	0,9991	0,9991	0,9992	0,9992	0,9992	0,9992	0,9993	0,9993
3,2	0,9993	0,9993	0,9994	0,9994	0,9994	0,9994	0,9994	0,9995	0,9995	0,9995
3,3	0,9995	0,9995	0,9995	0,9996	0,9996	0,9996	0,9996	0,9996	0,9996	0,9997
3,4	0,9997	0,9997	0,9997	0,9997	0,9997	0,9997	0,9997	0,9997	0,9997	0,9998
3,5	0,9998	0,9998	0,9998	0,9998	0,9998	0,9998	0,9998	0,9998	0,9998	0,9998
3,6	0,9998	0,9998	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999
3,7	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999
3,8	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999	0,9999
3,9	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000

**TABELA 2: Valores da Densidade Distribuição Normal Reduzida**

$$\text{Valor de } \alpha = \int_{T_\alpha}^{\infty} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-x^2/2}$$

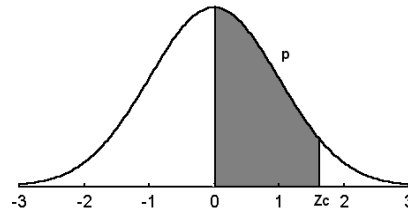
$$d_x = P(T \geq T_\alpha)$$



T	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9
0,0	0,5000	0,4960	0,4920	0,4880	0,4840	0,4801	0,4761	0,4721	0,4681	0,4641
0,1	0,4602	0,4562	0,4522	0,4483	0,4443	0,4404	0,4364	0,4325	0,4286	0,4247
0,2	0,4207	0,4168	0,4129	0,4090	0,4052	0,4013	0,3974	0,3936	0,3897	0,3859
0,3	0,3821	0,3783	0,3745	0,3707	0,3669	0,3632	0,3594	0,3557	0,3520	0,3483
0,4	0,3446	0,3409	0,3372	0,3336	0,3300	0,3264	0,3228	0,3192	0,3156	0,3121
0,5	0,3085	0,3050	0,3015	0,2981	0,2946	0,2912	0,2877	0,2843	0,2810	0,2776
0,6	0,2743	0,2709	0,2676	0,2643	0,2611	0,2578	0,2546	0,2514	0,2483	0,2451
0,7	0,2420	0,2389	0,2358	0,2327	0,2296	0,2266	0,2236	0,2206	0,2177	0,2148
0,8	0,2119	0,2090	0,2061	0,2033	0,2005	0,1977	0,1949	0,1922	0,1894	0,1867
0,9	0,1841	0,1814	0,1788	0,1762	0,1736	0,1711	0,1685	0,1660	0,1635	0,1611
1,0	0,1587	0,1562	0,1539	0,1515	0,1492	0,1469	0,1446	0,1423	0,1401	0,1379
1,1	0,1357	0,1335	0,1314	0,1292	0,1271	0,1251	0,1230	0,1210	0,1190	0,1170
1,2	0,1151	0,1131	0,1112	0,1093	0,1075	0,1056	0,1038	0,1020	0,1003	0,0985
1,3	0,0968	0,0951	0,0934	0,0918	0,0901	0,0885	0,0869	0,0853	0,0838	0,0823
1,4	0,0808	0,0793	0,0778	0,0764	0,0749	0,0735	0,0721	0,0708	0,0694	0,0681
1,5	0,0668	0,0655	0,0643	0,0630	0,0618	0,0606	0,0594	0,0582	0,0571	0,0559
1,6	0,0548	0,0537	0,0526	0,0516	0,0505	0,0495	0,0485	0,0475	0,0465	0,0455
1,7	0,0446	0,0436	0,0427	0,0418	0,0409	0,0401	0,0392	0,0384	0,0375	0,0367
1,8	0,0359	0,0351	0,0344	0,0336	0,0329	0,0322	0,0314	0,0307	0,0301	0,0294
1,9	0,0287	0,0281	0,0274	0,0268	0,0262	0,0256	0,0250	0,0244	0,0239	0,0233
2,0	0,0228	0,0222	0,0217	0,0212	0,0207	0,0202	0,0197	0,0192	0,0188	0,0183
2,1	0,0179	0,0174	0,0170	0,0166	0,0162	0,0158	0,0154	0,0150	0,0146	0,0143
2,2	0,0139	0,0136	0,0132	0,0129	0,0125	0,0122	0,0119	0,0116	0,0113	0,0110
2,3	0,0107	0,0104	0,0102	0,0099	0,0096	0,0094	0,0091	0,0089	0,0087	0,0084
2,4	0,0082	0,0080	0,0078	0,0075	0,0073	0,0071	0,0069	0,0068	0,0066	0,0064
2,5	0,0062	0,0060	0,0059	0,0057	0,0055	0,0054	0,0052	0,0051	0,0049	0,0048
2,6	0,0047	0,0045	0,0044	0,0043	0,0041	0,0040	0,0039	0,0038	0,0037	0,0036
2,7	0,0035	0,0034	0,0033	0,0032	0,0031	0,0030	0,0029	0,0028	0,0027	0,0026
2,8	0,0026	0,0025	0,0024	0,0023	0,0023	0,0022	0,0021	0,0021	0,0020	0,0019
2,9	0,0019	0,0018	0,0018	0,0017	0,0016	0,0016	0,0015	0,0015	0,0014	0,0014
3,0	0,0013	0,0013	0,0013	0,0012	0,0012	0,0011	0,0011	0,0011	0,0010	0,0010
3,1	0,0010	0,0009	0,0009	0,0009	0,0008	0,0008	0,0008	0,0008	0,0007	0,0007
3,2	0,0007	0,0007	0,0006	0,0006	0,0006	0,0006	0,0006	0,0005	0,0005	0,0005
3,3	0,0005	0,0005	0,0005	0,0004	0,0004	0,0004	0,0004	0,0004	0,0004	0,0003
3,4	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0002
3,5	0,0002	0,0002	0,0002	0,0002	0,0002	0,0002	0,0002	0,0002	0,0002	0,0002
3,6	0,0002	0,0002	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001
3,7	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001
3,8	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001
3,9	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000

**TABELA 3: Valores Críticos da Distribuição Normal Reduzida**

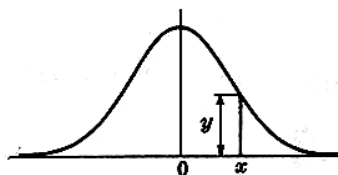
Probabilidades p tais que  $p = P(0 < Z < Z_c)$



Zc	SEGUNDA DECIMAL DE Zc										Zc
	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
<b>0,0</b>	0,0000	0,0040	0,0080	0,0120	0,0160	0,0199	0,0239	0,0279	0,0319	0,0359	<b>0,0</b>
<b>0,1</b>	0,0398	0,0438	0,0478	0,0517	0,0557	0,0596	0,0636	0,0675	0,0714	0,0753	<b>0,1</b>
<b>0,2</b>	0,0793	0,0832	0,0871	0,0910	0,0948	0,0987	0,1026	0,1064	0,1103	0,1141	<b>0,2</b>
<b>0,3</b>	0,1179	0,1217	0,1255	0,1293	0,1331	0,1368	0,1406	0,1443	0,1480	0,1517	<b>0,3</b>
<b>0,4</b>	0,1554	0,1591	0,1628	0,1664	0,1700	0,1736	0,1772	0,1808	0,1844	0,1879	<b>0,4</b>
<b>0,5</b>	0,1915	0,1950	0,1985	0,2019	0,2054	0,2088	0,2123	0,2157	0,2190	0,2224	<b>0,5</b>
<b>0,6</b>	0,2257	0,2291	0,2324	0,2357	0,2389	0,2422	0,2454	0,2486	0,2517	0,2549	<b>0,6</b>
<b>0,7</b>	0,2580	0,2611	0,2642	0,2673	0,2704	0,2734	0,2764	0,2794	0,2823	0,2852	<b>0,7</b>
<b>0,8</b>	0,2881	0,2910	0,2939	0,2967	0,2995	0,3023	0,3051	0,3079	0,3106	0,3133	<b>0,8</b>
<b>0,9</b>	0,3159	0,3186	0,3212	0,3238	0,3264	0,3289	0,3315	0,3340	0,3365	0,3389	<b>0,9</b>
<b>1,0</b>	0,3413	0,3438	0,3461	0,3485	0,3508	0,3531	0,3554	0,3577	0,3599	0,3621	<b>1,0</b>
<b>1,1</b>	0,3643	0,3665	0,3686	0,3708	0,3729	0,3749	0,3770	0,3790	0,3810	0,3830	<b>1,1</b>
<b>1,2</b>	0,3849	0,3869	0,3888	0,3907	0,3925	0,3944	0,3962	0,3980	0,3997	0,4015	<b>1,2</b>
<b>1,3</b>	0,4032	0,4049	0,4066	0,4082	0,4099	0,4115	0,4131	0,4147	0,4162	0,4177	<b>1,3</b>
<b>1,4</b>	0,4192	0,4207	0,4222	0,4236	0,4251	0,4265	0,4279	0,4292	0,4306	0,4319	<b>1,4</b>
<b>1,5</b>	0,4332	0,4345	0,4357	0,4370	0,4382	0,4394	0,4406	0,4418	0,4429	0,4441	<b>1,5</b>
<b>1,6</b>	0,4452	0,4463	0,4474	0,4484	0,4495	0,4505	0,4515	0,4525	0,4535	0,4545	<b>1,6</b>
<b>1,7</b>	0,4554	0,4564	0,4573	0,4582	0,4591	0,4599	0,4608	0,4616	0,4625	0,4633	<b>1,7</b>
<b>1,8</b>	0,4641	0,4649	0,4656	0,4664	0,4671	0,4678	0,4686	0,4693	0,4699	0,4706	<b>1,8</b>
<b>1,9</b>	0,4713	0,4719	0,4726	0,4732	0,4738	0,4744	0,4750	0,4756	0,4761	0,4767	<b>1,9</b>
<b>2,0</b>	0,4773	0,4778	0,4783	0,4788	0,4793	0,4798	0,4803	0,4808	0,4812	0,4817	<b>2,0</b>
<b>2,1</b>	0,4821	0,4826	0,4830	0,4834	0,4838	0,4842	0,4846	0,4850	0,4854	0,4857	<b>2,1</b>
<b>2,2</b>	0,4861	0,4864	0,4868	0,4871	0,4875	0,4878	0,4881	0,4884	0,4887	0,4890	<b>2,2</b>
<b>2,3</b>	0,4893	0,4896	0,4898	0,4901	0,4904	0,4906	0,4909	0,4911	0,4913	0,4916	<b>2,3</b>
<b>2,4</b>	0,4918	0,4920	0,4922	0,4925	0,4927	0,4929	0,4931	0,4932	0,4934	0,4936	<b>2,4</b>
<b>2,5</b>	0,4938	0,4940	0,4941	0,4943	0,4945	0,4946	0,4948	0,4949	0,4951	0,4952	<b>2,5</b>
<b>2,6</b>	0,4953	0,4955	0,4956	0,4957	0,4959	0,4960	0,4961	0,4962	0,4963	0,4964	<b>2,6</b>
<b>2,7</b>	0,4965	0,4966	0,4967	0,4968	0,4969	0,4970	0,4971	0,4972	0,4973	0,4974	<b>2,7</b>
<b>2,8</b>	0,4974	0,4975	0,4976	0,4977	0,4977	0,4978	0,4979	0,4979	0,4980	0,4981	<b>2,8</b>
<b>2,9</b>	0,4981	0,4982	0,4983	0,4983	0,4984	0,4984	0,4985	0,4985	0,4986	0,4986	<b>2,9</b>
<b>3,0</b>	0,4987	0,4987	0,4987	0,4988	0,4988	0,4989	0,4989	0,4989	0,4990	0,4990	<b>3,0</b>
<b>3,1</b>	0,4990	0,4991	0,4991	0,4991	0,4992	0,4992	0,4992	0,4992	0,4993	0,4993	<b>3,1</b>
<b>3,2</b>	0,4993	0,4993	0,4994	0,4994	0,4994	0,4994	0,4994	0,4995	0,4995	0,4995	<b>3,2</b>
<b>3,3</b>	0,4995	0,4995	0,4996	0,4996	0,4996	0,4996	0,4996	0,4996	0,4996	0,4997	<b>3,3</b>
<b>3,4</b>	0,4997	0,4997	0,4997	0,4997	0,4997	0,4997	0,4997	0,4997	0,4997	0,4998	<b>3,4</b>
<b>3,5</b>	0,4998	0,4998	0,4998	0,4998	0,4998	0,4998	0,4998	0,4998	0,4998	0,4998	<b>3,5</b>
<b>3,6</b>	0,4998	0,4998	0,4999	0,4999	0,4999	0,4999	0,4999	0,4999	0,4999	0,4999	<b>3,6</b>
<b>3,7</b>	0,4999	0,4999	0,4999	0,4999	0,4999	0,4999	0,4999	0,4999	0,4999	0,4999	<b>3,7</b>
<b>3,8</b>	0,4999	0,4999	0,4999	0,4999	0,4999	0,4999	0,4999	0,4999	0,4999	0,5000	<b>3,8</b>
<b>3,9</b>	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	<b>3,9</b>
<b>4,0</b>	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	0,5000	<b>4,0</b>

TABELA 4: Ordenadas da Curva Normal Standard

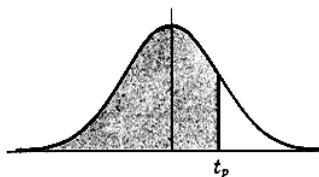
$$y = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-x^2/2}$$



x	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9
0,0	0,3989	0,3989	0,3989	0,3988	0,3986	0,3984	0,3982	0,3980	0,3977	0,3973
0,1	0,3970	0,3965	0,3961	0,3956	0,3951	0,3945	0,3939	0,3932	0,3925	0,3918
0,2	0,3910	0,3902	0,3894	0,3885	0,3876	0,3867	0,3857	0,3847	0,3836	0,3825
0,3	0,3814	0,3802	0,3790	0,3778	0,3765	0,3752	0,3739	0,3725	0,3712	0,3697
0,4	0,3683	0,3668	0,3653	0,3637	0,3621	0,3605	0,3589	0,3572	0,3555	0,3538
0,5	0,3521	0,3503	0,3485	0,3467	0,3448	0,3429	0,3410	0,3391	0,3372	0,3352
0,6	0,3332	0,3312	0,3292	0,3271	0,3251	0,3230	0,3209	0,3187	0,3166	0,3144
0,7	0,3123	0,3101	0,3079	0,3056	0,3034	0,3011	0,2989	0,2966	0,2943	0,2920
0,8	0,2897	0,2874	0,2850	0,2827	0,2803	0,2780	0,2756	0,2732	0,2709	0,2685
0,9	0,2661	0,2637	0,2613	0,2589	0,2565	0,2541	0,2516	0,2492	0,2468	0,2444
1,0	0,2420	0,2396	0,2371	0,2347	0,2323	0,2299	0,2275	0,2251	0,2227	0,2203
1,1	0,2179	0,2155	0,2131	0,2107	0,2083	0,2059	0,2036	0,2012	0,1989	0,1965
1,2	0,1942	0,1919	0,1895	0,1872	0,1849	0,1826	0,1804	0,1781	0,1758	0,1736
1,3	0,1714	0,1691	0,1669	0,1647	0,1626	0,1604	0,1582	0,1561	0,1539	0,1518
1,4	0,1497	0,1476	0,1456	0,1435	0,1415	0,1394	0,1374	0,1354	0,1334	0,1315
1,5	0,1295	0,1276	0,1257	0,1238	0,1219	0,1200	0,1182	0,1163	0,1145	0,1127
1,6	0,1109	0,1092	0,1074	0,1057	0,1040	0,1023	0,1006	0,0989	0,0973	0,0957
1,7	0,0940	0,0925	0,0909	0,0893	0,0878	0,0863	0,0848	0,0833	0,0818	0,0804
1,8	0,0790	0,0775	0,0761	0,0748	0,0734	0,0721	0,0707	0,0694	0,0681	0,0669
1,9	0,0656	0,0644	0,0632	0,0620	0,0608	0,0596	0,0584	0,0573	0,0562	0,0551
2,0	0,0540	0,0529	0,0519	0,0508	0,0498	0,0488	0,0478	0,0468	0,0459	0,0449
2,1	0,0440	0,0431	0,0422	0,0413	0,0404	0,0396	0,0387	0,0379	0,0371	0,0363
2,2	0,0355	0,0347	0,0339	0,0332	0,0325	0,0317	0,0310	0,0303	0,0297	0,0290
2,3	0,0283	0,0277	0,0270	0,0264	0,0258	0,0252	0,0246	0,0241	0,0235	0,0229
2,4	0,0224	0,0219	0,0213	0,0208	0,0203	0,0198	0,0194	0,0189	0,0184	0,0180
2,5	0,0175	0,0171	0,0167	0,0163	0,0158	0,0154	0,0151	0,0147	0,0143	0,0139
2,6	0,0136	0,0132	0,0129	0,0126	0,0122	0,0119	0,0116	0,0113	0,0110	0,0107
2,7	0,0104	0,0101	0,0099	0,0096	0,0093	0,0091	0,0088	0,0086	0,0084	0,0081
2,8	0,0079	0,0077	0,0075	0,0073	0,0071	0,0069	0,0067	0,0065	0,0063	0,0061
2,9	0,0060	0,0058	0,0056	0,0055	0,0053	0,0051	0,0050	0,0048	0,0047	0,0046
3,0	0,0044	0,0043	0,0042	0,0040	0,0039	0,0038	0,0037	0,0036	0,0035	0,0034
3,1	0,0033	0,0032	0,0031	0,0030	0,0029	0,0028	0,0027	0,0026	0,0025	0,0025
3,2	0,0024	0,0023	0,0022	0,0022	0,0021	0,0020	0,0020	0,0019	0,0018	0,0018
3,3	0,0017	0,0017	0,0016	0,0016	0,0015	0,0015	0,0014	0,0014	0,0013	0,0013
3,4	0,0012	0,0012	0,0012	0,0011	0,0011	0,0010	0,0010	0,0010	0,0009	0,0009
3,5	0,0009	0,0008	0,0008	0,0008	0,0008	0,0007	0,0007	0,0007	0,0007	0,0006
3,6	0,0006	0,0006	0,0006	0,0005	0,0005	0,0005	0,0005	0,0005	0,0005	0,0004
3,7	0,0004	0,0004	0,0004	0,0004	0,0004	0,0004	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003
3,8	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0002	0,0002	0,0002	0,0002	0,0002
3,9	0,0002	0,0002	0,0002	0,0002	0,0002	0,0002	0,0002	0,0002	0,0001	0,0001

**TABELA 5: Valores Percentis ( $t_p$ ) para Distribuição de Student  $t$**

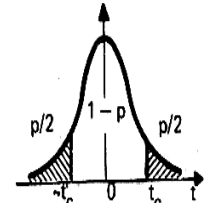
com  $n$  graus de liberdade  
(área sombreada =  $p$ )



$n$	$t_{0,995}$	$t_{0,99}$	$t_{0,975}$	$t_{0,95}$	$t_{0,90}$	$t_{0,80}$	$t_{0,75}$	$t_{0,70}$	$t_{0,60}$	$t_{0,55}$
1	63,66	31,82	12,71	6,31	3,08	1,376	1,000	0,727	0,325	0,158
2	9,92	6,96	4,30	2,92	1,89	1,061	0,816	0,617	0,289	0,142
3	5,84	4,54	3,18	2,35	1,64	0,978	0,765	0,584	0,277	0,137
4	4,60	3,75	2,78	2,13	1,53	0,941	0,741	0,569	0,271	0,134
5	4,03	3,36	2,57	2,02	1,48	0,920	0,727	0,559	0,267	0,132
6	3,71	3,14	2,45	1,94	1,44	0,906	0,718	0,553	0,265	0,131
7	3,50	3,00	2,36	1,90	1,42	0,896	0,711	0,549	0,263	0,130
8	3,36	2,90	2,31	1,86	1,40	0,889	0,706	0,546	0,262	0,130
9	3,25	2,82	2,26	1,83	1,38	0,883	0,703	0,543	0,261	0,129
10	3,17	2,76	2,23	1,81	1,37	0,879	0,700	0,542	0,260	0,129
11	3,11	2,72	2,20	1,80	1,36	0,876	0,697	0,540	0,260	0,129
12	3,06	2,68	2,18	1,78	1,36	0,873	0,695	0,539	0,259	0,128
13	3,01	2,65	2,16	1,77	1,35	0,870	0,694	0,538	0,259	0,128
14	2,98	2,62	2,14	1,76	1,34	0,868	0,692	0,537	0,258	0,128
15	2,95	2,60	2,13	1,75	1,34	0,866	0,691	0,536	0,258	0,128
16	2,92	2,58	2,12	1,75	1,34	0,865	0,690	0,535	0,258	0,128
17	2,90	2,57	2,11	1,74	1,33	0,863	0,689	0,534	0,257	0,128
18	2,88	2,55	2,10	1,73	1,33	0,862	0,688	0,534	0,257	0,127
19	2,86	2,54	2,09	1,73	1,33	0,861	0,688	0,533	0,257	0,127
20	2,84	2,53	2,09	1,72	1,32	0,860	0,687	0,533	0,257	0,127
21	2,83	2,52	2,08	1,72	1,32	0,859	0,686	0,532	0,257	0,127
22	2,82	2,51	2,07	1,72	1,32	0,858	0,686	0,532	0,256	0,127
23	2,81	2,50	2,07	1,71	1,32	0,858	0,685	0,532	0,256	0,127
24	2,80	2,49	2,06	1,71	1,32	0,857	0,685	0,531	0,256	0,127
25	2,79	2,48	2,06	1,71	1,32	0,856	0,684	0,531	0,256	0,127
26	2,78	2,48	2,06	1,71	1,32	0,856	0,684	0,531	0,256	0,127
27	2,77	2,47	2,05	1,70	1,31	0,855	0,684	0,531	0,256	0,127
28	2,76	2,47	2,05	1,70	1,31	0,855	0,683	0,530	0,256	0,127
29	2,76	2,46	2,04	1,70	1,31	0,854	0,683	0,530	0,256	0,127
30	2,75	2,46	2,04	1,70	1,31	0,854	0,683	0,530	0,256	0,127
40	2,70	2,42	2,02	1,68	1,30	0,851	0,681	0,529	0,255	0,126
60	2,66	2,39	2,00	1,67	1,30	0,848	0,679	0,527	0,254	0,126
120	2,62	2,36	1,98	1,66	1,29	0,845	0,677	0,526	0,254	0,126
$\infty$	2,58	2,33	1,96	1,645	1,28	0,842	0,674	0,524	0,253	0,126

TABELA 6: Distribuição de Student :St(n) - Valores Críticos de t

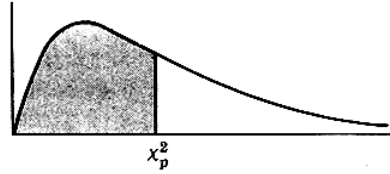
Graus de liberdade	Tabela 06 . DISTRIBUIÇÃO DE STUDENT: St(n) VALORES CRÍTICOS DE t TAIS QUE $P(-t_c < t < t_c) = 1 - p$															Graus de liberdade
	p = 90%	80%	70%	60%	50%	40%	30%	20%	10%	5%	4%	2%	1%	0,2%	0,1%	
1	0,158	0,325	0,510	0,727	1,000	1,376	1,963	3,078	6,314	12,706	15,894	31,821	63,657	318,309	636,619	1
2	0,142	0,289	0,445	0,617	0,816	1,061	1,386	1,886	2,920	4,303	4,849	6,965	9,925	22,327	31,598	2
3	0,137	0,277	0,424	0,584	0,765	0,978	1,250	1,638	2,353	3,182	3,482	4,541	5,841	10,214	12,924	3
4	0,134	0,271	0,414	0,569	0,741	0,941	1,190	1,533	2,132	2,776	2,998	3,747	4,604	7,173	8,610	4
5	0,132	0,267	0,408	0,559	0,727	0,920	1,156	1,476	2,015	2,571	2,756	3,365	4,032	5,893	6,869	5
6	0,131	0,265	0,404	0,553	0,718	0,906	1,134	1,440	1,943	2,447	2,612	3,143	3,707	5,208	5,959	6
7	0,130	0,263	0,402	0,549	0,711	0,896	1,119	1,415	1,895	2,365	2,517	2,998	3,499	4,785	5,408	7
8	0,130	0,262	0,399	0,546	0,706	0,889	1,108	1,397	1,860	2,306	2,449	2,896	3,355	4,501	5,041	8
9	0,129	0,261	0,398	0,543	0,703	0,883	1,100	1,383	1,833	2,262	2,398	2,821	3,250	4,297	4,781	9
10	0,129	0,260	0,397	0,542	0,700	0,879	1,093	1,372	1,812	2,228	2,359	2,764	3,169	4,144	4,587	10
11	0,129	0,260	0,396	0,540	0,697	0,876	1,088	1,363	1,796	2,201	2,328	2,718	3,106	3,025	4,437	11
12	0,128	0,259	0,395	0,539	0,695	0,873	1,083	1,356	1,782	2,179	2,303	2,681	3,055	3,930	4,318	12
13	0,128	0,259	0,394	0,538	0,694	0,870	1,079	1,350	1,771	2,160	2,282	2,650	3,012	3,852	4,221	13
14	0,128	0,258	0,393	0,537	0,692	0,868	1,076	1,345	1,761	2,145	2,264	2,624	2,977	3,787	4,140	14
15	0,128	0,258	0,393	0,536	0,691	0,866	1,074	1,341	1,753	2,131	2,248	2,602	2,947	3,733	4,073	15
16	0,128	0,258	0,392	0,535	0,690	0,865	1,071	1,337	1,746	2,120	2,235	2,583	2,921	3,686	4,015	16
17	0,128	0,257	0,392	0,534	0,689	0,863	1,069	1,333	1,740	2,110	2,224	2,567	2,898	3,646	3,965	17
18	0,127	0,257	0,392	0,534	0,688	0,862	1,067	1,330	1,734	2,101	2,214	2,552	2,878	3,610	3,922	18
19	0,127	0,257	0,391	0,533	0,688	0,861	1,066	1,328	1,729	2,093	2,205	2,539	2,861	3,579	3,883	19
20	0,127	0,257	0,391	0,533	0,687	0,860	1,064	1,325	1,725	2,086	2,197	2,528	2,845	3,552	3,850	20
21	0,127	0,257	0,391	0,532	0,686	0,859	1,063	1,323	1,721	2,080	2,189	2,518	2,831	3,527	3,819	21
22	0,127	0,256	0,390	0,532	0,686	0,858	1,061	1,321	1,717	2,074	2,183	2,508	2,819	3,505	3,792	22
23	0,127	0,256	0,390	0,532	0,685	0,858	1,060	1,319	1,714	2,069	2,177	2,500	2,807	3,485	3,768	23
24	0,127	0,256	0,390	0,531	0,685	0,857	1,059	1,318	1,711	2,064	2,172	2,492	2,797	3,467	3,745	24
25	0,127	0,256	0,390	0,531	0,684	0,856	1,058	1,316	1,708	2,060	2,168	2,485	2,787	3,450	3,725	25
26	0,127	0,256	0,390	0,531	0,684	0,856	1,058	1,315	1,706	2,056	2,162	2,479	2,779	3,435	3,707	26
27	0,127	0,256	0,389	0,531	0,684	0,855	1,057	1,314	1,703	2,052	2,158	2,473	2,771	3,421	3,690	27
28	0,127	0,256	0,389	0,530	0,684	0,855	1,056	1,313	1,701	2,048	2,154	2,467	2,763	3,408	3,674	28
29	0,127	0,256	0,389	0,530	0,683	0,854	1,055	1,311	1,699	2,045	2,150	2,462	2,756	3,396	3,659	29
30	0,127	0,256	0,389	0,530	0,683	0,854	1,055	1,310	1,697	2,042	2,147	2,457	2,750	3,385	3,646	30
35	0,126	0,255	0,388	0,529	0,682	0,852	1,052	1,306	1,690	2,030	2,133	2,438	2,724	3,340	3,591	35
40	0,126	0,255	0,388	0,529	0,681	0,851	1,050	1,303	1,684	2,021	2,123	2,423	2,704	3,307	3,551	40
50	0,126	0,254	0,387	0,528	0,679	0,849	1,047	1,299	1,676	2,009	2,109	2,403	2,678	3,261	3,496	50
60	0,126	0,254	0,387	0,527	0,679	0,848	1,045	1,296	1,671	2,000	2,099	2,390	2,660	3,232	3,460	60
120	0,126	0,254	0,386	0,526	0,677	0,845	1,041	1,289	1,658	1,980	2,076	2,358	2,617	3,160	3,373	120
∞	0,126	0,253	0,385	0,524	0,674	0,842	1,036	1,282	1,645	1,960	2,054	2,326	2,576	3,090	3,291	∞
	p = 90%	80%	70%	60%	50%	40%	30%	20%	10%	5%	4%	2%	1%	0,2%	0,1%	



DISTRIBUIÇÃO DE STUDENT

**TABELA 7: Valores Percentis para a Distribuição Chi Quadrada**

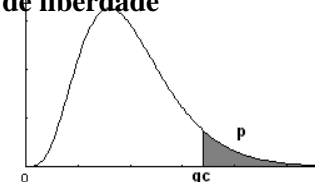
com  $n$  graus de liberdade  
(área sombreada =  $p$ )



$n$	$\chi^2_{0,995}$	$\chi^2_{0,99}$	$\chi^2_{0,975}$	$\chi^2_{0,95}$	$\chi^2_{0,90}$	$\chi^2_{0,75}$	$\chi^2_{0,50}$	$\chi^2_{0,25}$	$\chi^2_{0,10}$	$\chi^2_{0,05}$	$\chi^2_{0,025}$	$\chi^2_{0,01}$	$\chi^2_{0,005}$
1	7,88	6,63	5,02	3,84	2,71	1,32	0,455	0,102	0,0158	0,0039	0,0010	0,0002	0,0000
2	10,6	9,21	7,38	5,99	4,61	2,77	1,39	0,575	0,211	0,103	0,0506	0,0201	0,0100
3	12,8	11,3	9,35	7,81	6,25	4,11	2,37	1,21	0,584	0,352	0,216	0,115	0,072
4	14,9	13,3	11,1	9,49	7,78	5,39	3,36	1,92	1,06	0,711	0,484	0,297	0,207
5	16,7	15,1	12,8	11,1	9,24	6,63	4,35	2,67	1,61	1,15	0,831	0,554	0,412
6	18,5	16,8	14,4	12,6	10,6	7,84	5,35	3,45	2,20	1,64	1,24	0,872	0,676
7	20,3	18,5	16,0	14,1	12,0	9,04	6,35	4,25	2,83	2,17	1,69	1,24	0,989
8	22,0	20,1	17,5	15,5	13,4	10,2	7,34	5,07	3,49	2,73	2,18	1,65	1,34
9	23,6	21,7	19,0	16,9	14,7	11,4	8,34	5,90	4,17	3,33	2,70	2,09	1,73
10	25,2	23,2	20,5	18,3	16,0	12,5	9,34	6,74	4,87	3,94	3,25	2,56	2,16
11	26,8	24,7	21,9	19,7	17,3	13,7	10,3	7,58	5,58	4,57	3,82	3,05	2,60
12	28,3	26,2	23,3	21,0	18,5	14,8	11,3	8,44	6,30	5,23	4,40	3,57	3,07
13	29,8	27,7	24,7	22,4	19,8	16,0	12,3	9,30	7,04	5,89	5,01	4,11	3,57
14	31,3	29,1	26,1	23,7	21,1	17,1	13,3	10,2	7,79	6,57	5,63	4,66	4,07
15	32,8	30,6	27,5	25,0	22,3	18,2	14,3	11,0	8,55	7,26	6,26	5,23	4,60
16	34,3	32,0	28,8	26,3	23,5	19,4	15,3	11,9	9,31	7,96	6,91	5,81	5,14
17	35,7	33,4	30,2	27,6	24,8	20,5	16,3	12,8	10,1	8,67	7,56	6,41	5,70
18	37,2	34,8	31,5	28,9	26,0	21,6	17,3	13,7	10,9	9,39	8,23	7,01	6,26
19	38,6	36,2	32,9	30,1	27,2	22,7	18,3	14,6	11,7	10,1	8,91	7,63	6,84
20	40,0	37,6	34,2	31,4	28,4	23,8	19,3	15,5	12,4	10,9	9,59	8,26	7,43
21	41,4	38,9	35,5	32,7	29,6	24,9	20,3	16,3	13,2	11,6	10,3	8,90	8,03
22	42,8	40,3	36,8	33,9	30,9	26,0	21,3	17,2	14,0	12,3	11,0	9,54	8,64
23	44,2	41,6	38,1	35,2	32,0	27,1	22,3	18,1	14,8	13,1	11,7	10,2	9,26
24	45,6	43,0	39,4	36,4	33,2	28,2	23,3	19,0	15,7	13,8	12,4	10,9	9,89
25	46,9	44,3	40,6	37,7	34,4	29,3	24,3	19,9	16,5	14,6	13,1	11,5	10,5
26	48,3	45,6	41,9	38,9	35,6	30,4	25,3	20,8	17,3	15,4	13,8	12,2	11,2
27	49,6	47,0	43,2	40,1	36,7	31,5	26,3	21,7	18,1	16,2	14,6	12,9	11,8
28	51,0	48,3	44,5	41,3	37,9	32,6	27,3	22,7	18,9	16,9	15,3	13,6	12,5
29	52,3	49,6	45,7	42,6	39,1	33,7	28,3	23,6	19,8	17,7	16,0	14,3	13,1
30	53,7	50,9	47,0	43,8	40,3	34,8	29,3	24,5	20,6	18,5	16,8	15,0	13,8
40	66,8	63,7	59,3	55,8	51,8	45,6	39,3	33,7	29,1	26,5	24,4	22,2	20,7
50	79,5	76,2	71,4	67,5	63,2	56,3	49,3	42,9	37,7	34,8	32,4	29,7	28,0
60	92,0	88,4	83,3	79,1	74,4	67,0	59,3	52,3	46,5	43,2	40,5	37,5	35,5
70	104,2	100,4	95,0	90,5	85,5	77,6	69,3	61,7	55,3	51,7	48,8	45,4	43,3
80	116,3	112,3	106,6	101,9	96,6	88,1	79,3	71,1	64,3	60,4	57,2	53,5	51,2
90	128,3	124,1	118,1	113,1	107,6	98,6	89,3	80,6	73,3	69,1	65,6	61,8	59,2
100	140,2	135,8	129,6	124,3	118,5	109,1	99,3	90,1	82,4	77,9	74,2	70,1	67,3

**TABELA 8: Valores críticos ( $q_c$ ) da distribuição Chi-Quadrado com  $v$  graus de liberdade**

Valores  $q_c$  tais que  $p = P(Q > q_c)$

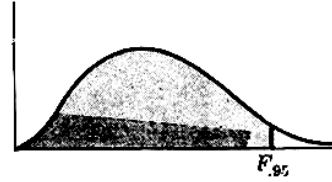


v	PROBABILIDADES																		
	0,990	0,980	0,975	0,950	0,900	0,800	0,700	0,500	0,300	0,200	0,100	0,050	0,040	0,030	0,025	0,020	0,010	0,005	0,001
1	0,000	0,001	0,001	0,004	0,016	0,064	0,148	0,455	1,074	1,642	2,706	3,841	4,218	4,709	5,024	5,412	6,635	7,879	10,828
2	0,020	0,040	0,051	0,103	0,211	0,446	0,713	1,386	2,408	3,219	4,605	5,991	6,438	7,013	7,378	7,824	9,210	10,597	13,816
3	0,115	0,185	0,216	0,352	0,584	1,005	1,424	2,366	3,665	4,642	6,251	7,815	8,311	8,947	9,348	9,837	11,345	12,838	16,266
4	0,297	0,429	0,484	0,711	1,064	1,649	2,195	3,357	4,878	5,989	7,779	9,488	10,026	10,712	11,143	11,668	13,277	14,860	18,467
5	0,554	0,752	0,831	1,145	1,610	2,343	3,000	4,351	6,064	7,289	9,236	11,070	11,644	12,375	12,833	13,388	15,086	16,750	20,515
6	0,872	1,134	1,237	1,635	2,204	3,070	3,828	5,348	7,231	8,558	10,645	12,592	13,198	13,968	14,449	15,033	16,812	18,548	22,458
7	1,239	1,564	1,690	2,167	2,833	3,822	4,671	6,346	8,383	9,803	12,017	14,067	14,703	15,509	16,013	16,622	18,475	20,278	24,322
8	1,646	2,032	2,180	2,733	3,490	4,594	5,527	7,344	9,524	11,030	13,362	15,507	16,171	17,010	17,535	18,168	20,090	21,955	26,125
9	2,088	2,532	2,700	3,325	4,168	5,380	6,393	8,343	10,656	12,242	14,684	16,919	17,608	18,480	19,023	19,679	21,666	23,589	27,877
10	2,558	3,059	3,247	3,940	4,865	6,179	7,267	9,342	11,781	13,442	15,987	18,307	19,021	19,922	20,483	21,161	23,209	25,188	29,588
11	3,053	3,609	3,816	4,575	5,578	6,989	8,148	10,341	12,899	14,631	17,275	19,675	20,412	21,342	21,920	22,618	24,725	26,757	31,264
12	3,571	4,178	4,404	5,226	6,304	7,807	9,034	11,340	14,011	15,812	18,549	21,026	21,785	22,742	23,337	24,054	26,217	28,300	32,910
13	4,107	4,765	5,009	5,892	7,042	8,634	9,926	12,340	15,119	16,985	19,812	22,362	23,142	24,125	24,736	25,471	27,688	29,819	34,528
14	4,660	5,368	5,629	6,571	7,790	9,467	10,821	13,339	16,222	18,151	21,064	23,685	24,485	25,493	26,119	26,873	29,141	31,319	36,124
15	5,229	5,985	6,262	7,261	8,547	10,307	11,721	14,339	17,322	19,311	22,307	24,996	25,816	26,848	27,488	28,259	30,578	32,801	37,697
16	5,812	6,614	6,908	7,962	9,312	11,152	12,624	15,339	18,418	20,465	23,542	26,296	27,136	28,191	28,845	29,633	32,000	34,267	39,254
17	6,408	7,255	7,564	8,672	10,085	12,002	13,531	16,338	19,511	21,615	24,769	27,587	28,445	29,523	30,191	30,995	33,409	35,718	40,789
18	7,015	7,906	8,231	9,390	10,865	12,857	14,440	17,338	20,601	22,760	25,989	28,869	29,745	30,845	31,526	32,346	34,805	37,156	42,312
19	7,633	8,567	8,907	10,117	11,651	13,716	15,352	18,338	21,689	23,900	27,204	30,143	31,037	32,158	32,852	33,687	36,191	38,582	43,819
20	8,260	9,237	9,591	10,851	12,443	14,578	16,266	19,337	22,775	25,038	28,412	31,410	32,321	33,462	34,170	35,020	37,566	39,997	45,315
21	8,897	9,915	10,283	11,591	13,240	15,445	17,182	20,337	23,858	26,171	29,615	32,671	33,597	34,759	35,479	36,343	38,932	41,401	46,797
22	9,542	10,600	10,982	12,338	14,041	16,314	18,101	21,337	24,939	27,301	30,813	33,924	34,867	36,049	36,781	37,660	40,290	42,796	48,270
23	10,196	11,293	11,689	13,091	14,848	17,187	19,021	22,337	26,018	28,429	32,007	35,172	36,131	37,332	38,076	38,968	41,638	44,181	49,726
24	10,856	11,992	12,401	13,848	15,659	18,062	19,943	23,337	27,096	29,553	33,196	36,415	37,389	38,609	39,364	40,270	42,980	45,559	51,179
25	11,524	12,697	13,120	14,611	16,473	18,940	20,867	24,337	28,172	30,675	34,382	37,653	38,642	39,881	40,647	41,566	44,314	46,928	52,622
26	12,198	13,409	13,844	15,379	17,292	19,820	21,792	25,336	29,246	31,795	35,563	38,885	39,889	41,146	41,923	42,856	45,642	48,290	54,054
27	12,879	14,125	14,573	16,151	18,114	20,703	22,719	26,336	30,319	32,912	36,741	40,113	41,132	42,407	43,195	44,140	46,963	49,645	55,477
28	13,565	14,847	15,308	16,928	18,939	21,588	23,647	27,336	31,391	34,027	37,916	41,337	42,370	43,662	44,461	45,419	48,278	50,994	56,893
29	14,256	15,574	16,047	17,708	19,768	22,475	24,577	28,336	32,461	35,139	39,087	42,557	43,604	44,913	45,722	46,693	49,588	52,336	58,303
30	14,953	16,306	16,791	18,493	20,599	23,364	25,508	29,336	33,530	36,250	40,256	43,773	44,834	46,160	46,979	47,962	50,892	53,672	59,703



TABELA 9: 95 % Valores Percentis para a Distribuição F

$n_1$  = graus de liberdade para o numerador  
 $n_2$  = graus de liberdade para o denominador  
 (área sombreada = 0,95)

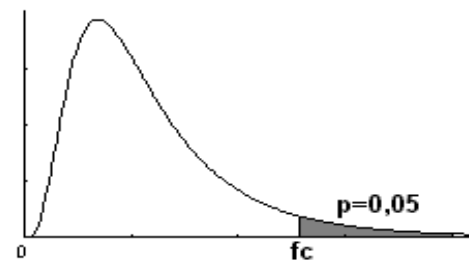


$n_1 \backslash n_2$	1	2	3	4	5	6	8	12	16	20	30	40	50	100	$\infty$
1	161,4	199,5	215,7	224,6	230,2	234,0	238,9	243,9	246,3	248,0	250,1	251,1	252,2	253,0	254,3
2	18,51	19,00	19,16	19,25	19,30	19,33	19,37	19,41	19,43	19,45	19,46	19,46	19,47	19,49	19,50
3	10,13	9,55	9,28	9,12	9,01	8,94	8,85	8,74	8,69	8,66	8,62	8,60	8,58	8,56	8,53
4	7,71	6,94	6,59	6,39	6,26	6,16	6,04	5,91	5,84	5,80	5,75	5,71	5,70	5,66	5,63
5	6,61	5,79	5,41	5,19	5,05	4,95	4,82	4,68	4,60	4,56	4,50	4,46	4,44	4,40	4,36
6	5,99	5,14	4,76	4,53	4,39	4,28	4,15	4,00	3,92	3,87	3,81	3,77	3,75	3,71	3,67
7	5,59	4,74	4,35	4,12	3,97	3,87	3,73	3,57	3,49	3,44	3,38	3,34	3,32	3,28	3,23
8	5,32	4,46	4,07	3,84	3,69	3,58	3,44	3,28	3,20	3,15	3,08	3,05	3,03	2,98	2,93
9	5,12	4,26	3,86	3,63	3,48	3,37	3,23	3,07	2,98	2,93	2,86	2,82	2,80	2,76	2,71
10	4,96	4,10	3,71	3,48	3,33	3,22	3,07	2,91	2,82	2,77	2,70	2,67	2,64	2,59	2,54
11	4,84	3,98	3,59	3,36	3,20	3,09	2,95	2,79	2,70	2,65	2,57	2,53	2,50	2,45	2,40
12	4,75	3,89	3,49	3,26	3,11	3,00	2,85	2,69	2,60	2,54	2,46	2,42	2,40	2,35	2,30
13	4,67	3,81	3,41	3,18	3,03	2,92	2,77	2,60	2,51	2,46	2,38	2,34	2,32	2,26	2,21
14	4,60	3,74	3,34	3,11	2,96	2,85	2,70	2,53	2,44	2,39	2,31	2,27	2,24	2,19	2,13
15	4,54	3,68	3,29	3,06	2,90	2,79	2,64	2,48	2,39	2,33	2,25	2,21	2,18	2,12	2,07
16	4,49	3,63	3,24	3,01	2,85	2,74	2,59	2,42	2,33	2,28	2,20	2,16	2,13	2,07	2,01
17	4,45	3,59	3,20	2,96	2,81	2,70	2,55	2,38	2,29	2,23	2,15	2,11	2,08	2,02	1,96
18	4,41	3,55	3,16	2,93	2,77	2,66	2,51	2,34	2,25	2,19	2,11	2,07	2,04	1,98	1,92
19	4,38	3,52	3,13	2,90	2,74	2,63	2,48	2,31	2,21	2,15	2,07	2,02	2,00	1,94	1,88
20	4,35	3,49	3,10	2,87	2,71	2,60	2,45	2,28	2,18	2,12	2,04	1,99	1,96	1,90	1,84
22	4,30	3,44	3,05	2,82	2,66	2,55	2,40	2,23	2,13	2,07	1,98	1,93	1,91	1,84	1,78
24	4,26	3,40	3,01	2,78	2,62	2,51	2,36	2,18	2,09	2,03	1,94	1,89	1,86	1,80	1,73
26	4,23	3,37	2,98	2,74	2,59	2,47	2,32	2,15	2,05	1,99	1,90	1,85	1,82	1,76	1,69
28	4,20	3,34	2,95	2,71	2,56	2,45	2,29	2,12	2,02	1,96	1,87	1,81	1,78	1,72	1,65
30	4,17	3,32	2,92	2,69	2,53	2,42	2,27	2,09	1,99	1,93	1,84	1,79	1,76	1,69	1,62
40	4,08	3,23	2,84	2,61	2,45	2,34	2,18	2,00	1,90	1,84	1,74	1,69	1,66	1,59	1,51
50	4,03	3,18	2,79	2,56	2,40	2,29	2,13	1,95	1,85	1,78	1,69	1,63	1,60	1,52	1,44
60	4,00	3,15	2,76	2,53	2,37	2,25	2,10	1,92	1,81	1,75	1,65	1,59	1,56	1,48	1,39
70	3,98	3,13	2,74	2,50	2,35	2,23	2,07	1,89	1,79	1,72	1,62	1,56	1,53	1,45	1,35
80	3,96	3,11	2,72	2,48	2,33	2,21	2,05	1,88	1,77	1,70	1,60	1,54	1,51	1,42	1,32
100	3,94	3,09	2,70	2,46	2,30	2,19	2,03	1,85	1,75	1,68	1,57	1,51	1,48	1,39	1,28
150	3,91	3,06	2,67	2,43	2,27	2,16	2,00	1,82	1,71	1,64	1,54	1,47	1,44	1,34	1,22
200	3,89	3,04	2,65	2,41	2,26	2,14	1,98	1,80	1,69	1,62	1,52	1,45	1,42	1,32	1,19
400	3,86	3,02	2,62	2,39	2,23	2,12	1,96	1,78	1,67	1,60	1,49	1,42	1,38	1,28	1,13
$\infty$	3,84	2,99	2,60	2,37	2,21	2,09	1,94	1,75	1,64	1,57	1,46	1,40	1,32	1,24	1,00

**TABELA 10: Valores críticos ( $f_c$ ) da distribuição F-Snedecor com ( $v_1$ ;  $v_2$ ) graus de liberdade**

$v_1$  = número de graus de liberdade do numerador  
 $v_2$  = número de graus de liberdade do denominador

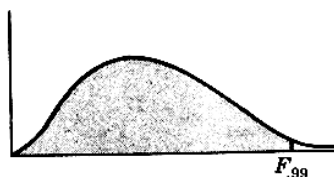
Valores  $f_c$  tais que  $P(F > f_c) = 0,05$



$v_2$	$v_1$ (graus de liberdade do numerador)																		
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	12	14	16	18	20	30	50	70	100
1	161,45	199,50	215,71	224,58	230,16	233,99	236,77	238,88	240,54	241,88	243,90	245,36	246,46	247,32	248,01	250,09	251,77	252,49	253,04
2	18,51	19,00	19,16	19,25	19,30	19,33	19,35	19,37	19,38	19,40	19,41	19,42	19,43	19,44	19,45	19,46	19,48	19,48	19,49
3	10,13	9,55	9,28	9,12	9,01	8,94	8,89	8,85	8,81	8,79	8,74	8,71	8,69	8,67	8,66	8,62	8,58	8,57	8,55
4	7,71	6,94	6,59	6,39	6,26	6,16	6,09	6,04	6,00	5,96	5,91	5,87	5,84	5,82	5,80	5,75	5,70	5,68	5,66
5	6,61	5,79	5,41	5,19	5,05	4,95	4,88	4,82	4,77	4,74	4,68	4,64	4,60	4,58	4,56	4,50	4,44	4,42	4,41
6	5,99	5,14	4,76	4,53	4,39	4,28	4,21	4,15	4,10	4,06	4,00	3,96	3,92	3,90	3,87	3,81	3,75	3,73	3,71
7	5,59	4,74	4,35	4,12	3,97	3,87	3,79	3,73	3,68	3,64	3,57	3,53	3,49	3,47	3,44	3,38	3,32	3,29	3,27
8	5,32	4,46	4,07	3,84	3,69	3,58	3,50	3,44	3,39	3,35	3,28	3,24	3,20	3,17	3,15	3,08	3,02	2,99	2,97
9	5,12	4,26	3,86	3,63	3,48	3,37	3,29	3,23	3,18	3,14	3,07	3,03	2,99	2,96	2,94	2,86	2,80	2,78	2,76
10	4,96	4,10	3,71	3,48	3,33	3,22	3,14	3,07	3,02	2,98	2,91	2,86	2,83	2,80	2,77	2,70	2,64	2,61	2,59
11	4,84	3,98	3,59	3,36	3,20	3,09	3,01	2,95	2,90	2,85	2,79	2,74	2,70	2,67	2,65	2,57	2,51	2,48	2,46
12	4,75	3,89	3,49	3,26	3,11	3,00	2,91	2,85	2,80	2,75	2,69	2,64	2,60	2,57	2,54	2,47	2,40	2,37	2,35
13	4,67	3,81	3,41	3,18	3,03	2,92	2,83	2,77	2,71	2,67	2,60	2,55	2,51	2,48	2,46	2,38	2,31	2,28	2,26
14	4,60	3,74	3,34	3,11	2,96	2,85	2,76	2,70	2,65	2,60	2,53	2,48	2,44	2,41	2,39	2,31	2,24	2,21	2,19
15	4,54	3,68	3,29	3,06	2,90	2,79	2,71	2,64	2,59	2,54	2,48	2,42	2,38	2,35	2,33	2,25	2,18	2,15	2,12
16	4,49	3,63	3,24	3,01	2,85	2,74	2,66	2,59	2,54	2,49	2,42	2,37	2,33	2,30	2,28	2,19	2,12	2,09	2,07
17	4,45	3,59	3,20	2,96	2,81	2,70	2,61	2,55	2,49	2,45	2,38	2,33	2,29	2,26	2,23	2,15	2,08	2,05	2,02
18	4,41	3,55	3,16	2,93	2,77	2,66	2,58	2,51	2,46	2,41	2,34	2,29	2,25	2,22	2,19	2,11	2,04	2,00	1,98
19	4,38	3,52	3,13	2,90	2,74	2,63	2,54	2,48	2,42	2,38	2,31	2,26	2,21	2,18	2,16	2,07	2,00	1,97	1,94
20	4,35	3,49	3,10	2,87	2,71	2,60	2,51	2,45	2,39	2,35	2,28	2,22	2,18	2,15	2,12	2,04	1,97	1,93	1,91
21	4,32	3,47	3,07	2,84	2,68	2,57	2,49	2,42	2,37	2,32	2,25	2,20	2,16	2,12	2,10	2,01	1,94	1,90	1,88
22	4,30	3,44	3,05	2,82	2,66	2,55	2,46	2,40	2,34	2,30	2,23	2,17	2,13	2,10	2,07	1,98	1,91	1,88	1,85
23	4,28	3,42	3,03	2,80	2,64	2,53	2,44	2,37	2,32	2,27	2,20	2,15	2,11	2,08	2,05	1,96	1,88	1,85	1,82
24	4,26	3,40	3,01	2,78	2,62	2,51	2,42	2,36	2,30	2,25	2,18	2,13	2,09	2,05	2,03	1,94	1,86	1,83	1,80
25	4,24	3,39	2,99	2,76	2,60	2,49	2,40	2,34	2,28	2,24	2,16	2,11	2,07	2,04	2,01	1,92	1,84	1,81	1,78
26	4,23	3,37	2,98	2,74	2,59	2,47	2,39	2,32	2,27	2,22	2,15	2,09	2,05	2,02	1,99	1,90	1,82	1,79	1,76
27	4,21	3,35	2,96	2,73	2,57	2,46	2,37	2,31	2,25	2,20	2,13	2,08	2,04	2,00	1,97	1,88	1,81	1,77	1,74
28	4,20	3,34	2,95	2,71	2,56	2,45	2,36	2,29	2,24	2,19	2,12	2,06	2,02	1,99	1,96	1,87	1,79	1,75	1,73
29	4,18	3,33	2,93	2,70	2,55	2,43	2,35	2,28	2,22	2,18	2,10	2,05	2,01	1,97	1,94	1,85	1,77	1,74	1,71
30	4,17	3,32	2,92	2,69	2,53	2,42	2,33	2,27	2,21	2,16	2,09	2,04	1,99	1,96	1,93	1,84	1,76	1,72	1,70
35	4,12	3,27	2,87	2,64	2,49	2,37	2,29	2,22	2,16	2,11	2,04	1,99	1,94	1,91	1,88	1,79	1,70	1,66	1,63
40	4,08	3,23	2,84	2,61	2,45	2,34	2,25	2,18	2,12	2,08	2,00	1,95	1,90	1,87	1,84	1,74	1,66	1,62	1,59
60	4,00	3,15	2,76	2,53	2,37	2,25	2,17	2,10	2,04	1,99	1,92	1,86	1,82	1,78	1,75	1,65	1,56	1,52	1,48
80	3,96	3,11	2,72	2,49	2,33	2,21	2,13	2,06	2,00	1,95	1,88	1,82	1,77	1,73	1,70	1,60	1,51	1,46	1,43
100	3,94	3,09	2,70	2,46	2,31	2,19	2,10	2,03	1,97	1,93	1,85	1,79	1,75	1,71	1,68	1,57	1,48	1,43	1,39

TABELA 11: 99 % Valores Percentis para a Distribuição F

$n_1$  = graus de liberdade para o numerador  
 $n_2$  = graus de liberdade para o denominador  
 (área sombreada = 0,99)



$n_1 \backslash n_2$	1	2	3	4	5	6	8	12	16	20	30	40	50	100	$\infty$
1	4052	4999	5403	5625	5764	5859	5981	6106	6169	6208	6258	6286	6302	6334	6366
2	98,49	99,01	99,17	99,25	99,30	99,33	99,36	99,42	99,44	99,45	99,47	99,48	99,48	99,49	99,50
3	34,12	30,81	29,46	28,71	28,24	27,41	27,49	27,05	28,63	26,69	26,50	26,41	26,35	26,23	26,12
4	21,20	18,00	16,69	15,98	15,52	15,21	14,80	14,37	14,15	14,02	13,83	13,74	13,69	13,57	13,46
5	16,26	13,27	12,06	11,39	10,97	10,67	10,27	9,89	9,68	9,55	9,38	9,29	9,24	9,13	9,02
6	13,74	10,92	9,78	9,15	8,75	8,47	8,10	7,72	7,52	7,39	7,23	7,14	7,09	6,99	6,88
7	12,25	9,55	8,45	7,85	7,46	7,19	6,84	6,47	6,27	6,15	5,98	5,90	5,85	5,75	5,65
8	11,26	8,65	7,59	7,01	6,63	6,37	6,03	5,67	5,48	5,36	5,20	5,11	5,06	4,96	4,86
9	10,56	8,02	6,99	6,42	6,06	5,80	5,47	5,11	4,92	4,80	4,64	4,56	4,51	4,41	4,31
10	10,04	7,56	6,55	5,99	5,64	5,39	5,06	4,71	4,52	4,41	4,25	4,17	4,12	4,01	3,91
11	9,05	7,20	6,22	5,67	5,32	5,07	4,74	4,40	4,21	4,10	3,94	3,86	3,80	3,70	3,60
12	9,33	6,93	5,95	5,41	5,06	4,82	4,50	4,16	3,98	3,86	3,70	3,61	3,56	3,46	3,36
13	9,07	6,70	5,74	5,20	4,86	4,62	4,30	3,96	3,78	3,67	3,51	3,42	3,37	3,27	3,16
14	8,86	6,51	5,56	5,03	4,69	4,46	4,14	3,80	3,62	3,51	3,34	3,26	3,21	3,11	3,00
15	8,68	6,36	5,42	4,89	4,56	4,32	4,00	3,67	3,48	3,36	3,20	3,12	3,07	2,97	2,87
16	8,53	6,23	5,29	4,77	4,44	4,20	3,89	3,55	3,37	3,25	3,10	3,01	2,96	2,86	2,75
17	8,40	6,11	5,18	4,67	4,34	4,10	3,79	3,45	3,27	3,16	3,00	2,92	2,86	2,76	2,65
18	8,28	6,01	5,09	4,58	4,25	4,01	3,71	3,37	3,19	3,07	2,91	2,83	2,78	2,68	2,57
19	8,18	5,93	5,01	4,50	4,17	3,94	3,63	3,30	3,12	3,00	2,84	2,76	2,70	2,60	2,49
20	8,10	5,85	4,94	4,43	4,10	3,87	3,56	3,23	3,05	2,94	2,77	2,69	2,63	2,53	2,42
22	7,94	5,72	4,82	4,31	3,99	3,76	3,45	3,12	2,94	2,83	2,67	2,58	2,53	2,42	2,31
24	7,82	5,61	4,72	4,22	3,90	3,67	3,36	3,03	2,85	2,74	2,58	2,49	2,44	2,33	2,21
26	7,72	5,53	4,64	4,14	3,82	3,59	3,29	2,96	2,77	2,66	2,50	2,41	2,36	2,25	2,13
28	7,64	5,45	4,57	4,07	3,76	3,53	3,23	2,90	2,71	2,60	2,44	2,35	2,30	2,18	2,06
30	7,56	5,39	4,51	4,02	3,70	3,47	3,17	2,84	2,66	2,55	2,38	2,29	2,24	2,13	2,01
40	7,31	5,18	4,31	3,83	3,51	3,29	2,99	2,66	2,49	2,37	2,20	2,11	2,05	1,94	1,82
50	7,17	5,06	4,20	3,72	3,41	3,18	2,88	2,56	2,39	2,26	2,10	2,00	1,94	1,82	1,68
60	7,08	4,98	4,13	3,65	3,34	3,12	2,82	2,50	2,32	2,20	2,03	1,93	1,87	1,74	1,60
70	7,01	4,92	4,08	3,60	3,29	3,07	2,77	2,45	2,28	2,15	1,98	1,88	1,82	1,69	1,53
80	6,96	4,88	4,04	3,56	3,25	3,04	2,74	2,41	2,24	2,11	1,94	1,84	1,78	1,65	1,49
100	6,90	4,82	3,98	3,51	3,20	2,99	2,69	2,36	2,19	2,06	1,89	1,79	1,73	1,59	1,43
150	6,81	4,75	3,91	3,44	3,14	2,92	2,62	2,30	2,12	2,00	1,83	1,72	1,66	1,51	1,33
200	6,76	4,71	3,88	3,41	3,11	2,90	2,60	2,28	2,09	1,97	1,79	1,69	1,62	1,48	1,28
400	6,70	4,66	3,83	3,36	3,06	2,85	2,55	2,23	2,04	1,92	1,74	1,64	1,57	1,42	1,19
$\infty$	6,64	4,60	3,78	3,32	3,02	2,80	2,51	2,18	1,99	1,87	1,69	1,59	1,52	1,36	1,00

**TABELA 12: Números Aleatórios**

51772	74640	42331	29044	46621	62898	93582	04186	19640	87056
24033	23491	83587	06568	21960	21387	76105	10863	97453	90581
45939	60173	52078	25424	11645	55870	56974	37428	93507	94271
30586	02133	75797	45406	31041	86707	12973	17169	88116	42187
03585	79353	81938	82322	96799	85659	36081	50884	14070	74950
64937	03355	95863	20790	65304	55189	00745	65253	11822	15804
15630	64759	51135	98527	62586	41889	25439	88036	24034	67283
09448	56301	57683	30277	94623	85418	68829	06652	41982	49159
21631	91157	77331	60710	52290	16835	48653	71590	16159	14676
91097	17480	29414	06829	87843	28195	27279	47152	35683	47280
50532	25496	95652	42457	73547	76552	50020	24819	52984	76168
07136	40876	79971	54195	25708	51817	36732	72484	94923	75936
27989	64728	10744	08396	56242	90985	28868	99431	50995	20507
85184	73949	36601	46253	00477	25234	09908	36574	72139	70185
54398	21154	97810	36764	32869	11785	55261	59009	38714	38723
65544	34371	09591	07839	58892	92843	72828	91341	84821	63886
08263	65952	85762	64236	39238	18776	84303	99247	46149	03229
39817	67906	48236	16057	81812	15815	63700	85915	19219	45943
62257	04077	79443	95203	02479	30763	92486	54083	23631	05825
53298	90276	62545	21944	16530	03878	07516	95715	02526	33537