

Estimativas de parâmetros genéticos para as características consideradas no índice bioeconômico (MGTe) do programa de melhoramento Nelore Brasil

Bianca Ferreira Olivieri^{1*}, Sabrina Kluska¹, Fabieli Braga Feitosa¹, Mariana Piato Berton¹, Rafael Lara Tonussi¹, Marcos Lemos¹, Nicole Colucci¹, Hermenegildo Lucas Chiaia¹, Raysildo Lôbo², Fernando Di Croce³, Jason Osterkto³, Cláudio Ulhôa Magnabosco⁴, Rafael Medeiros da Silva⁵, Fernando Baldi¹

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, SP, Brasil.

²Departamento de Pesquisa e Desenvolvimento, ANCP, Ribeirão Preto – SP.

³Zoetis, 333 Portage St., KZO300-210SE, Kalamazoo, MI 49007, Estados Unidos

⁴Embrapa Arroz e Feijão/Cerrados, Goiânia – GO.

⁵ Animal and Dairy Science Department, University of Georgia, Athens, GA, USA

*Autor correspondente: bianca.olivieri@hotmail.com.br

Resumo: O objetivo do presente estudo foi estimar parâmetros genéticos para características de carcaça, crescimento e reprodutivas de bovinos da raça Nelore. Foram analisadas as características de peso aos 120, 210 e 450 dias (P120, P210, P450), área do olho de lombo (AOL), perímetros escrotais aos 365 e 450 dias (PE365, PE450), idade ao primeiro parto (IPP), *stayability* (STAY) e probabilidade de prenhez precoce (3P). Para as características STAY e 3P foi utilizado o modelo de limiar, e para as demais características o modelo animal linear. Para a estimação dos componentes de variância e herdabilidade foi utilizado o modelo ssGBLUP. As estimativas de herdabilidade para as características P120, P210, P450, AOL, PE365, PE450, IPP, STAY e 3P foram 0,20; 0,21; 0,43; 0,33; 0,47; 0,52; 0,11; 0,12 e 0,37, respectivamente. A magnitude apresentada para as estimativas de herdabilidade foram de baixa (<0,15) a alta (>0,30), o que mostra que as mesmas possuem variabilidade genética suficiente para responderem a seleção. Indicando que maiores ganhos por seleção direta podem ser obtidos para as características P450, PE365, PE450, AOL e 3P, uma vez que a herdabilidade estimada destas características é superior as demais.

Palavras-chave: área de olho de lombo, idade ao primeiro parto, perímetro escrotal, peso, *stayability*

Estimates of genetic parameters of growth, carcass and reproduction traits in Nelore

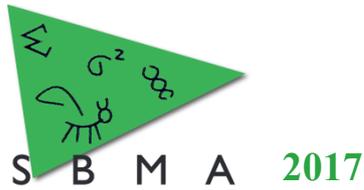
Abstract: The aim in the present study was to estimate genetic parameters for carcass, growth and reproductive traits of Nelore cattle. The weight traits at 120, 210 and 450 days (W120, W210, W450), loin eye area (LEA), scrotal circumference at 365 (SC365) and 450 (SC450) days of age age at first calving (AFC), *stayability* (STAY) and probability of Precocious pregnancy (3P) with the inclusion of the genomic kinship matrix by means of the Single Step GBLUP. For the STAY and 3P traits, the threshold model was used, and for the other traits the linear animal model. Heritability estimates for traits W120, W210, W450, LEA, SP365, SP450, AFC, STAY and 3P were 0.20; 0.21; 0.43; 0.33; 0.47; 0.52; 0.11; 0.12 and 0.37, respectively. The results show that higher gains by direct selection can be obtained for the traits P450, PE365, PE450, LEA and 3P, because these traits presented heritability is higher than the others.

Keywords: Loin eye area, age at first calving, scrotal perimeter, weight, *stayability*

Introdução

A produção de carne é determinada pela interação de várias características, consequentemente os animais são selecionados para mais de uma característica. A herdabilidade, que expressa o nível de correspondência entre o fenótipo e o valor genético para determinada característica, tem a função preditiva, expressa o grau de influência da característica para a geração seguinte, então permite avaliar e selecionar os animais com maior qualificação para gerar uma prole mais produtiva. Os parâmetros genéticos serão fatores de decisão, são utilizados para atualizar os ponderadores do índice de seleção, predizendo possíveis melhorias e resultados esperados da seleção. O objetivo do trabalho foi estimar parâmetros genéticos para as características de crescimento (pesos ajustados para os 120, 210 e 450 dias de idade), carcaça (área de olho de lombo) e de reprodução (perímetro escrotal aos 365 e 450 dias, idade ao primeiro parto, *stayability* e probabilidade de prenhez precoce) as quais constituem o Índice Bioeconômico (Mérito Genético Total Econômico - MGTe) do programa de melhoramento genético Nelore Brasil da Associação de Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP).

Material e Métodos



XII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Ribeirão Preto, SP – 12 e 13 de junho de 2017

Os dados analisados no presente estudo foram fornecidos pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). As informações são provenientes de 18 rebanhos localizados nas regiões Sudeste e Centro-Oeste do Brasil, os quais participam do programa de melhoramento animal Nelore Brasil. A matriz de parentesco foi composta por 23 gerações e 129.369 animais, sendo 5.257 touros e 50.742 vacas com informação fenotípica. Um total 4294 animais foram genotipados com um painel de baixa densidade (Clarifide Nelore 2.0 – 22k), e subsequentemente imputados a painéis de SNP de 54k e 777k, por meio do *software* Fimpute. Os marcadores com *call rate* inferior a 90%, frequências do alelo menor inferiores a 0,05, valores de Equilíbrio de Hardy-Weinberg inferiores a 0,01, marcadores com posição redundante e localizados em cromossomos não autossômicos foram retirados da análise. Após o controle de qualidade, permaneceram 461.554 SNP e 4256 animais com informação de genótipo na análise.

Para as características pesos ajustados aos 120 (P120), 210 (P210) e 450 (P450) dias, área de olho de lombo (AOL) e perímetros escrotais ajustados aos 365 e 450 dias (PE365, PE450) e idade ao primeiro parto (IPP) foi utilizado o modelo linear. Já para as características *stayability* (STAY) e probabilidade de prenhez precoce (3P) foi utilizado o modelo de limiar. No modelo de limiar, para a característica *stayability*, as fêmeas que apresentaram no mínimo três partos até os 76 meses tiveram o fenótipo categorizado como sucesso, descrito pelo número 2, animais que não alcançaram três partos até esta idade, fenótipo descrito por 1. Para 3P as fêmeas que tiveram prenhez confirmada e pararam pela primeira vez até os 30 meses seu fenótipo foi categorizado como indicativo de sucesso (2) para fêmeas que não apresentaram parição até esta idade, como fracasso (1), e para as fêmeas que não atingiram esta idade e não confirmaram prenhez, como informação perdida.

O modelo utilizado para a estimativa de parâmetros genéticos incluiu o efeito aleatório genético aditivo direto, para P120 e P210 também foram incluídos os efeitos materno e ambiente permanente materno, e o efeito fixo de grupo de contemporâneos (GC). O GC foi definido de acordo com cada característica: P120, P210, P450 agrupado por fazenda, ano e estação de nascimento, sexo e grupo de manejo; AOL por fazenda, ano de nascimento, sexo, manejo, lote de manejo; PE365 e PE450 por fazenda, ano e estação de nascimento, lote de manejo; IPP, STAY e 3P por fazenda, ano e estação de nascimento. Os componentes variâncias e parâmetros genéticos em análise foram estimados considerando o modelo animal linear (ssGBLUP), e o programa computacional AIREMLF90 (MISZTAL et al., 2002; AGUILAR et al., 2010) e THRGIBBS1F90. O modelo ssGBLUP (single step GBLUP) é uma modificação do BLUP com numerador da matriz de parentesco A^{-1} substituído por H^{-1} (AGUILAR et al., 2010). O modelo utilizado é representado pela seguinte equação:

$$y = X\beta + Zg + Mm + Wpe + e$$

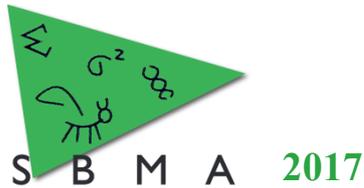
em que: y = vetor das variáveis dependentes; β = vetor dos efeitos fixos, incluindo grupo de contemporâneos; X = matriz de incidência associando β com y ; g = vetor dos efeitos aleatórios de valor genético aditivo direto; Z = matriz de incidência associando g com y ; M = Matriz de incidência associando m a y ; m = vetor dos efeitos aleatórios de valor genético aditivo materno; W = matriz de incidência associando p com y ; pe = vetor dos efeitos aleatórios de ambiente permanente da vaca; e = vetor dos efeitos residuais. Para as características binárias STAY e 3P, *a priori* foram consideradas as distribuições dos vetores y , a e e :

$$y \sim MVN(X\beta + Za); \quad a|G \sim MVN(0, H \otimes G); \quad e|R \sim MVN(0, I \otimes R)$$

em que: H é a matriz de coeficientes de parentesco entre os animais obtidos a partir das análises de passo único (single-step); R é a matriz de variância residual; I é a matriz Identidade; G matriz de variância genética aditiva e \otimes é o produto de Kronecke. A distribuição *a priori* para os componentes de variância dos efeitos genéticos e residuais foi um Wishart invertido. Para os efeitos fixos foi definida uma distribuição *a priori* uniforme. E foram geradas cadeias com 500.000 interações, em que as primeiras 20.000 interações foram descartadas. Para estimação dos parâmetros, as amostras foram armazenadas a cada 100 ciclos, originando um arquivo com 5.000 informações. A convergência dos dados foi verificada por meio do pacote de análises Bayesian Output Analysis (BOA) do software R 2.9.0 (The R Development Core Team, 2009).

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 são apresentados o número de animais avaliados, a média fenotípica das características, as variância genética aditiva, residual, materna e ambiente materno permanente e as respectivas herdabilidades com seus respectivos desvios-padrão.



XII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Ribeirão Preto, SP – 12 e 13 de junho de 2017

Tabela 1. Estatística descritiva e estimativas de herdabilidade direta (h^2) e materna (h^2_m), e efeito de ambiente permanente materno (c^2) para as características de crescimento, carcaça e reprodução.

¹ Característica	N	Média	$h^2 \pm DP$	$h^2_m \pm DP$	$c^2 \pm DP$
P120 (kg)	83.073	134,00	0,20±0,01	0,09±0,007	0,14±0,006
P210 (kg)	74.927	195,40	0,21±0,01	0,08±0,002	0,14±0,002
P450 (kg)	60.325	290,20	0,43±0,01		
AOL (cm ²)	15.076	52,09	0,33±0,02		
PE365 (cm)	27.567	20,88	0,47±0,02		
PE450 (cm)	27.675	24,13	0,52±0,02		
IPP (meses)	18.526	35	0,11±0,01		
STAY	13.303	51,7%	0,12 (0,07-0,16)		
3P	6.255	29,0%	0,37 (0,26-0,48)		

¹P120: peso aos 120 dias; P210: peso aos 210 dias; P450: peso aos 450 dias; AOL: área de olho de lombo; PE365: perímetro escrotal aos 365 dias; PE450: perímetro escrotal aos 450 dias; IPP: Idade ao Primeiro Parto; STAY: *stayability*; 3P: probabilidade de prenhez precoce;

As herdabilidades estimadas para as características de crescimento variaram de moderada a alta magnitude, onde P120 e P210 apresentaram herdabilidades moderadas e P450 apresentou herdabilidade de alta magnitude, a qual possui maior contribuição ponderada no MGTe. As estimativas de herdabilidade aditiva materna para P120 (0,09) e P210 (0,08) demonstram que o efeito materno teve pouca influência sobre a característica. A característica de carcaça AOL apresentou moderada a alta magnitude, e está de acordo com os valores encontrados na literatura para a raça Nelore, que variam de 0,20 a 0,40 (PINHEIRO, 2010; FERNANDES JUNIOR, 2015). As estimativas de herdabilidade para perímetro escrotal (PE365 e PE450) têm magnitude similar aos resultados obtidos por Santana et al. (2012) (0,49) para animais Nelore aos 18 meses. Laureano e colaboradores (2011) estimaram herdabilidade para IPP e obtiveram o mesmo valor que foi observado no presente estudo, de 0,12. Van Melis et al. (2009) em um estudo com animais Nelore apresentou herdabilidade de 0,10 para STAY e Santana et al (2012) de 0,11 também para Nelore, demonstrando baixa magnitude da característica na raça, mas apesar da baixa herdabilidade. A STAY é uma característica importante, uma vez possui uma ponderação de 22% no índice bioeconômico (MGTe). Boligon e Albuquerque em um estudo com Nelore, encontraram herdabilidade para 3P de alta magnitude, de 0,45, compatível com a encontrada no presente estudo (>0,30), logo a seleção direta para essa característica traz alto ganho genético para o rebanho e com a precocidade o intervalo de geração do rebanho deve diminuir, trazendo mais ganho ao produtor.

Conclusão

As estimativas de herdabilidade foram de baixa a alta magnitude, o que mostra que as mesmas possuem variabilidade genética suficiente para responderem a seleção. Os maiores ganhos por seleção direta seriam obtidos para as características P450, PE365, PE450, AOL e 3P. Analisando as demais herdabilidades, é possível concluir que a maior parte das características que compõem o índice apresentam herdabilidade de moderada a alta magnitude. Logo o uso do MGTe para selecionar os reprodutores trará ganhos de forma significativa para a lucratividade dos sistemas de produção de carne, com base em critérios de mercado, de manejo e genéticos.

Literatura citada

AGUILAR I, MISZTAL I, JOHNSON DL, et al. **A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score.** J Dairy Sci. 743–752; 2010.
MISZTAL I, TSURUTA S, STRABEL T, et al. **BLUPF90 and related programs (BGF90).** In The 7th World Congress Genetics Application Livestock Production. Montpellier, France. 2002.