



Palmas – TO UFT/ABZ
24 a 28 de maio



ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS SOB ENFOQUE BAYESIANO PARA INDICADORES DE PRODUTIVIDADE NA RAÇA NELORE

Ronyere Olegário de Araújo¹, Cintia Righetti Marcondes³, Tomás Weber², Dionéia Magda Everling², Pedro Alejandro Vozzi⁴, Paulo Roberto Nogara Rorato²

¹Programa de Pós Graduação em Ciências Animais – UnB/FAV, 70910-900, Brasília – DF, e-mail: ronyere@yahoo.com.br

²Departamento de Zootecnia – UFSM/CCR, e-mail: rorato@smail.ufsm.br; samotweber@hotmail.com; dioneiamagda@yahoo.com.br

³Embrapa Amazônia Oriental, e-mail: cimarcon@cpatu.embrapa.br

⁴Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores - ANCP. e-mail: avozzi@hotmail.com

Resumo: Objetivou-se com este trabalho estimar os componentes de variâncias, utilizando análise bayesiana multivariada, de um indicador de produtividade e de características produtivas e reprodutivas para fêmeas da raça Nelore. O arquivo estava constituído de 3.029 registros de animais, filhos de 357 touros e 3.029 vacas, nascidos no período de 1976 a 2001. Estimaram-se os parâmetros genéticos, sob enfoque Bayesiano, utilizando os programas REMUNF90 e GIBBS2F90, sob modelo animal tetra-característica que apresentava como aleatórios os efeitos genéticos aditivos diretos e os residuais e como fixos o efeitos do ano de nascimento e o efeito do grupo de contemporâneos. Observou-se que os valores pontuais para os coeficientes de herdabilidades apresentaram pequena variação em relação aos valores mínimos e máximos, seguindo a tendência das variâncias aditivas, sendo também evidenciadas graficamente. As magnitudes das estimativas de herdabilidade do efeito genético direto obtidas para o peso aos 365 e aos 550 dias de idade, para a idade ao primeiro parto e para o índice de produtividade total foram respectivamente: 0,48; 0,60; 0,37 e 0,24; sugerindo que parte considerável da variação existente entre os animais, para estas características, está sob influência de componente genético aditivo; deste modo, todas as características abordadas no presente trabalho, podem responder de forma satisfatória à seleção.

Palavras-chave: Amostragem de *Gibbs*, gado de corte, modelo multivariada, parâmetros genéticos

BAYESIAN APPROACH FOR PRODUCTIVITY INDICATORS IN NELLORE HERDS

Abstract: The objective of this work to estimate the variance components using Bayesian analysis multivariate, an indicator of productivity and productive and reproductive traits in Nelore females. The file was made up of 3,029 records of animals, sired of 357 bulls and 3,029 cows, born between 1976 to 2001. Estimated the genetic parameters on a Bayesian approach, used programs REMUNF90 and GIBBS2F90, adopting an animal model multivariate that presented as random the direct additive genetic and residual and as the fixed effects of year of birth and the effect of contemporaneous group. It was observed that the values for the coefficients of heritability showed little variation in relation to the minimum and maximum values, following the trend of additive genetic variances, and also graphically evidenced. The magnitude of the heritability estimates of direct genetic effects obtained for the weight at 365 and 550 days of age, the age at first birth and the rate of total productivity were respectively: 0.48, 0.60, 0.37 and 0.24, suggesting that the considerable variation between animals for these features, is under the influence of additive genetic component, thus all the features discussed in this work, may respond satisfactorily to the selection.

Keywords: Cattle, genetic parameters, *Gibbs* sampling, multivariate model.

Introdução

O desempenho reprodutivo dos animais é um dos principais fatores para se obter a máxima produtividade nos sistemas de produção. Entretanto, nos diversos programas de melhoramento utilizam-se o desempenho ponderal, como critérios de seleção, enquanto que, entre aquelas

indicadoras de fertilidade e precocidade sexual, o único empregado na maioria dos programas é o perímetro escrotal (BOLIGON et al., 2008).

Diante dessa necessidade, diferentes métodos para avaliar a produtividade de vacas foram estudados em bovinos de corte. Essas fórmulas, segundo Azevêdo et al. (2005), associam características do bezerro e da matriz, buscando vacas que desmamem bezerros pesados e, ao mesmo tempo, consigam manter condição corporal para parir um bezerro anualmente.

Neste contexto, Schwengber et al. (2001), trabalhando com dados de rebanhos da Raça Nelore, observou efeito aditivo do índice produtividade acumulada (PAC), correspondendo a 15% da variância fenotípica, semelhante aos 0,11 estimados por Azevêdo et al. (2005) para o mesmo índice em rebanhos Nelore. Estes valores sugerem a existência de variabilidade genética suficiente para inclusão dessa característica em programas de melhoramento genético.

Assim, objetivou-se com este trabalho estimar os componentes de variâncias, utilizando análise bayesiana multicaracterística, de um indicador de produtividade e de características produtivas e reprodutivas para fêmeas da raça Nelore.

Material e Métodos

O arquivo de análise estava constituído de 3.029 registros de animais, filhos de 357 touros e 3.029 vacas, nascidos em 41 fazendas localizadas nas regiões Centro-Oeste, Sudeste e Sul do Brasil no período de 1976 a 2001. A matriz de parentesco estava constituída de 5.704 animais.

As características estudadas foram; peso ajustado aos 365 e aos 550 dias de idade (P365 e P550), cujos registros foram avaliados nos filhos; índice de produtividade total (IPT), obtida segundo Lôbo et al. (2000) e a idade ao primeiro parto que foram obtidas através de informações das vacas.

Para a estimação dos componentes de variâncias, sob enfoque Bayesiano, foram utilizados os programas REMUNF90 e GIBBS2F90. Nesta análise, foi adotado um modelo animal tetra-característica que apresentava como aleatórios os efeitos genéticos aditivos diretos e os residuais e como fixos o efeitos do ano de nascimento e os efeitos dos grupos de contemporâneos (GCs), que reuniu, para o P365, animais de mesmo sexo, regime alimentar aos 365 dias de idade e mesma condição de criação aos 205 dias de idade; para o P550, o GC reuniu animais de mesmo sexo e mesmo regime alimentar aos 550 dias de idade; para o IPT, o GC reuniu as vacas criadas sob o mesmo regime alimentar aos 205 e aos 550 dias de idade; e para o IPP, o GC estava constituído de vacas criadas sob a mesma condição de criação aos 550 dias de idade. Em adição, foi incluído a fazenda de nascimento em todos os GCs. Em termos matriciais, as Equações de Modelos Mistos para obtenção dos BLUP (Melhor Predição Linear não Viesada), sob modelo animal, podem ser descritas como:

$$y = X\beta + Za + \varepsilon,$$

em que; y = vetor das observações de cada característica (P365, P550, IPP e IPT); X = matriz de incidência dos efeitos fixos (Ano e GCs); β = vetor dos efeitos fixos; Z = matriz de incidência do efeito genético direto de cada animal; a = vetor de efeitos genéticos diretos aleatórios; ε = vetor de efeitos residuais aleatórios.

Nesta análise, foi implementada uma cadeia de um milhão de rodadas com descarte inicial de vinte mil amostras. As amostragens (a cada 100 ciclos) assim como as análises *post-gibbs* foram realizadas utilizando o programa POSTGIBBSF90. A convergência da cadeia de Gibbs foi verificada utilizando os critérios de Heidelberger e Welch e o critério de Geweke os quais forneceram valores de 0,005 e -1,47, respectivamente, o que confirma sua convergência o que já era esperado, visto que esta análise seguiu a recomendação do critério de Raftery e Lewis ao sugerir a referida cadeia. Estes critérios foram obtidos através do pacote estatístico BOA do *software* R. As saídas foram trabalhadas no SAS, para calcular as estimativas de herdabilidade (h^2_a), bem como obter a Região de Credibilidade a 95% para a h^2_a . O arquivo gerado pelo SAS foi submetido às análises, *a posteriori*, no programa GIBANAL, versão 2.3, incluindo-se a correlação serial entre as amostras e a obtenção das densidades marginais posteriores para edição dos gráficos, em Excel, de distribuição posterior das h^2_a .

Resultados e Discussão

Observa-se que os valores pontuais (Me, Mo e Med) para os coeficientes de herdabilidades (h^2_a) apresentaram pequena variação, seguindo a tendência das variâncias aditivas, em relação aos valores mínimos e máximos (Tabela 1; Figura 1), as quais também podem ser evidenciadas graficamente. Nota-se que a correlação serial entre as amostras foi alta somente para a característica IPP (Tabela 1), este evento pode ter acontecido devido, neste trabalho, ter sido adotada uma análise multicaracterística, e assim somente um período de descarte com uma única frequência de amostragem. Entretanto, não foi suficiente para enviesar a análise, uma vez que seguindo os critérios adotados, houve convergência da cadeia de *Gibbs*.

As magnitudes das estimativas de herdabilidade direta (h^2_a) obtidas para P365 e P550 (Tabela 1) foram superiores aos obtidos por Madureira et al., 2009 (0,38 – 0,44) para animais da raça nelore e aos relatados por Toral et al., 2007 (0,43 – 0,46) para animais da raça Canchim, ambos estudos utilizando metodologia bayesiana. Para a IPP, Boligon et al. (2008), utilizando metodologia frequentista, relataram estimativa de h^2_a de 0,14 para fêmeas da raça Nelore, estimativa essa inferior ao obtido no presente trabalho. Para o índice de produtividade deste trabalho (IPT), Azevêdo et al. (2005) estimaram valor de 0,11 para a h^2_a para o índice produtividade acumulada (PAC), semelhante aos 0,15 publicados por Schwengber et al. (2001), ambos estudos utilizando metodologia frequentista em registros de fêmeas da raça Nelore.

Com isso observa-se, a partir da presente discussão, maior magnitude para os coeficientes estimados no presente trabalho, sugerindo que parte considerável da variação existente entre os animais, para estas características, está sob influência de componente genético aditivo; deste modo, todas as características abordadas no presente trabalho, podem responder de forma satisfatória à seleção.

De certa forma, análises multicaracterísticas são mais apropriadas para avaliações de pesos pós-desmama, pois removem o viés causado pelo efeito da seleção que geralmente ocorre no período da desmama. Em consequência, estas análises estimam as variâncias genética aditiva e residual para cada idade levando em conta as correlações entre todas as idades. Isso pode explicar o fato das h^2_a estimadas para o P365 e P550 terem sido de maior magnitude em comparação a trabalhos, com análise unicaráter, disponíveis na literatura (TORAL et al., 2007; BOLIGON et al., 2008), uma vez que neste caso as variâncias estariam mais sujeitas aos efeitos de amostragem.

Em consequência desta análise multicaracterística, constatou-se maior variância genética para as características IPP e IPT (Figura 1), fornecendo estimativas de h^2_a superiores aos retratados na literatura (SCHWENGBER et al., 2001; AZEVÊDO et al., 2005; BOLIGON et al., 2008). Em adição, chama-se atenção para a superioridade apresentada pela IPP. Esta característica possui grande influência do manejo reprodutivo e da idade em que as fêmeas são desafiadas à concepção, assim, dependendo da forma que tais efeitos são considerados ou não nos modelos, as estimativas obtidas podem sofrer grandes variações. Azevêdo et al. (2005) ressaltaram que em um índice que incorpore características fundamentais à seleção de fêmeas, a herdabilidade estimada indicaria possibilidade de obtenção de fêmeas mais produtivas avaliadas por sua periodicidade reprodutiva e pelo peso dos seus bezerros ao desmame, o que, em consequência, proporcionaria maior produtividade potencial dos rebanhos.

Conclusões

Os coeficientes de herdabilidades, para todas as características, sugerem variabilidade genética suficiente para responder de forma satisfatória à seleção. A herdabilidade estimada para o índice de produtividade total indica possibilidade de obtenção de fêmeas com maior produtividade potencial dos rebanhos.

Referências Bibliográficas

1. AZEVÊDO, D.M.M.R.; MARTINS FILHO, R.; LÔBO, R.N.B. et al. Produtividade Acumulada (PAC) das Matrizes em Rebanhos Nelore do Norte e Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.1, p.54-59, 2005.

2. BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; RORATO, P.R.N. Associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.4, p.596-601, 2008.
3. LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.; OLIVEIRA, H.N. et al. **Avaliação genética de animais jovens, touros e matrizes**. Ribeirão Preto: Universidade de São Paulo/GEMAC, 2000. 90p.
4. MADUREIRA, A.P.; OLIVEIRA, H.N.; ROSA, G.J.M. et al. Inferência bayesiana na predição de valores genéticos do peso aos 365 dias de bovinos de corte. **Archivos Zootecnia**, v.58, n.222, p.265-275, 2009.
5. SCHWENGBER, E.B.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. Produtividade acumulada como critério de seleção em fêmeas da raça Nelore. **Ciência Rural**, v.31, n.3, p.483-486, 2001.
6. TORAL, F.L.B.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R. Abordagens freqüentista e bayesiana para avaliação genética de bovinos da raça Canchim para características de crescimento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.1, p.43-53, 2007.

Tabela 1. Correlação Serial e análise descritiva das variâncias genéticas aditivas e das estimativas de herdabilidades obtidas para as características após análise do programa Gibanal

Característica	Correl. Serial	Variância Aditiva					Herdabilidade				
		Me	Mo	Med	Min	Max	Me	Mo	Med	Min	Max
P365	-0,021	566,13	573,51	560,80	301,2	923,9	0,48	0,47	0,48	0,27	0,74
P550	-0,005	1408,12	1389,02	1404,00	739,6	2179,0	0,60	0,60	0,60	0,33	0,84
IPP	0,407	616,74	596,12	610,81	101,4	997,8	0,37	0,36	0,36	0,08	0,57
IPT	0,086	272,66	241,52	266,40	105,7	589,7	0,24	0,21	0,24	0,10	0,50

Me = Média; Mo = Moda; Med = Mediana; Min = Mínimo; Max = Máximo; P365 = peso ajustado aos 365 dias de idade; P550 = Peso ajustado aos 550 dias de idade; IPP = Idade ao primeiro parto; IPT = Índice de produtividade total

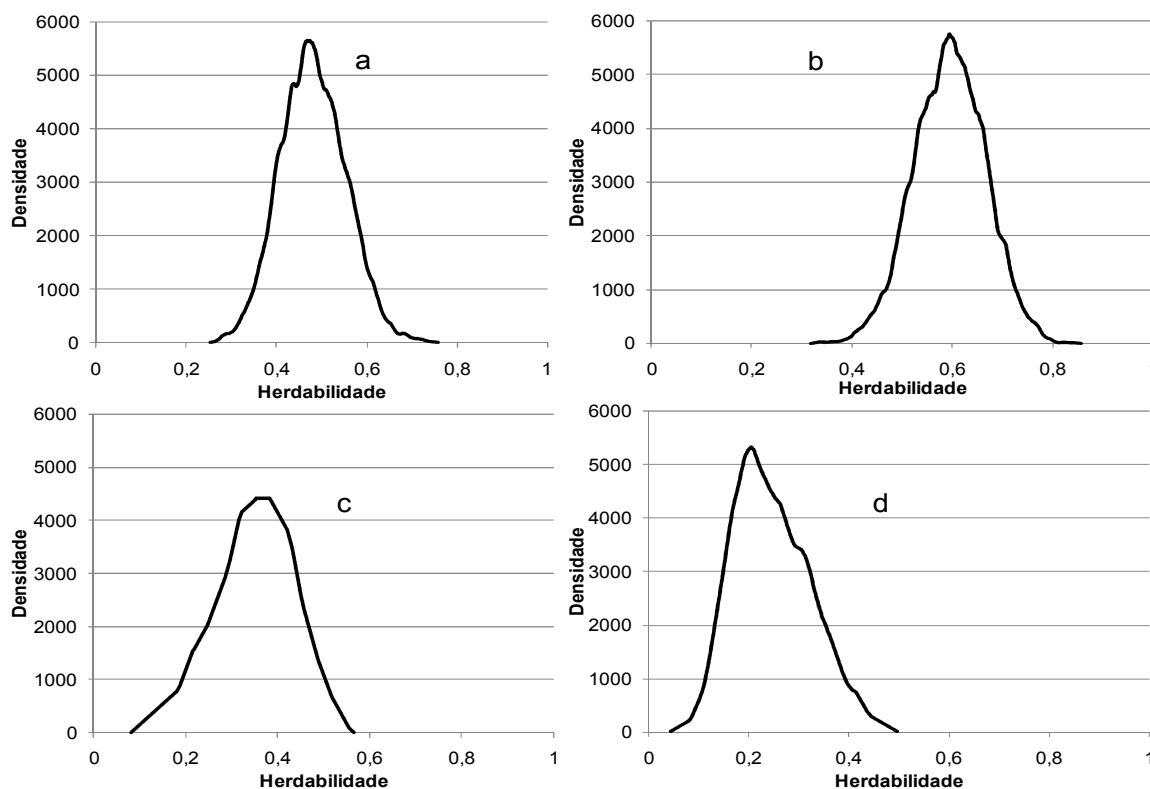


Figura 1. Distribuições das densidades posteriores médias para a herdabilidade do peso aos 365 (a) e 550 dias de idade (b), da idade aos primeiro parto (c) e do indicador de produtividade total (d).