

AJUSTE DE MODELOS NÃO LINEARES PARA DADOS DE ASSOCIAÇÃO DE GENES CANDIDATOS COM PESO CORPORAL DE BOVINOS DE CORTE

Claudia C. Paro de Paz^{1,2}, Alfredo R. Freitas³, Irineu Umberto Packer²,
Daniela D. Tambasco³, Luciana C. Almeida Regitano³,
Maurício Melo de Alencar³

¹Instituto de Zootecnia, Centro de Genética e Reprodução Animal,
²Depto. Produção Animal - Esalq-USP, ³Embrapa Pecuária Sudeste.

Introdução

A análise de dados longitudinais por meio de ajustamento de uma função que descreva todo o período de vida do animal relacionando peso e idade, tem sido objetivo de inúmeros estudos em diversas áreas da pesquisa. O objetivo deste trabalho foi determinar o modelo não linear que melhor se ajusta a dados de peso e idade de bovinos cruzados, de acordo com os genótipos dos animais para os genes kappa-caseína-*Hinfl* (*CSN3*), hormônio do crescimento-*Alul* (*GH*) e β -lactoglobulina-*HaeIII* (*LGB*).

Material e Métodos

Foram utilizados 196 animais dos quais 70 eram $\frac{1}{2}$ Nelore + $\frac{1}{2}$ Canchim, 64 $\frac{1}{2}$ Nelore + $\frac{1}{2}$ Aberdeen Angus e 62 $\frac{1}{2}$ Nelore + $\frac{1}{2}$ Simental, pertencentes à Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP. As classes genóticas observadas para os polimorfismo dos genes foram LL e LV para GH e AA, AB e BB para CSN3 e LGB. Os grupos genóticos foram obtidos pela concatenação dos três genes. Os dados de 14 mensurações de peso foram coletados ao nascimento, ao desmame (7 meses) e, mensalmente, dos 8 aos 19 meses de idade. Os dados foram ajustados pelos modelos Brody, Logístico Von Bertalanffy, Gompertz e Richards utilizando-se o PROC NLIN (SAS, 2001), para obtenção das estimativas dos parâmetros. O modelo Logístico (Nelder, 1961), $Y_t = A(1 + e^{-kt})^{-m}$, de aspecto sigmoidal, foi o que apresentou o melhor ajuste para estimar o crescimento dos animais em função da idade. Neste modelo, Y_t é o peso corporal, em kg, no instante t, expresso em dias após o nascimento; A é o peso estimado no período final do crescimento (peso assintótico); k é a taxa de maturidade pós-natal e m, a constante que estabelece a forma da curva.

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 são apresentadas as estimativas ($P < 0,05$) dos parâmetros obtidas dos modelos não-lineares. As estimativas de R^2 foram superiores a 96%, indicando boa qualidade do ajuste dos dados ao modelo logístico. Enquanto os parâmetros k e m apresentaram pequenas diferenças entre os grupos genóticos, os valores de A foram divergentes, entre os mesmos, provavelmente em função do crescimento ser influenciado por fatores genéticos e ambientais.

Tabela 1. Estimativas dos parâmetros obtidas pelo modelo Logístico

| Grupo Genético | Grupo Genotípico | A ¹ | k | m | R ² |
|-------------------|------------------|----------------|---------|--------|----------------|
| Nelore X Canchim | AALLAB | 429,2 (5) | 0,00665 | 3,8001 | 0,9811 |
| | AALLBB | 417,5 (5) | 0,00698 | 3,6819 | 0,9754 |
| | AALVAA | 788,5 (6) | 0,00451 | 3,8722 | 0,9981 |
| | ABLLAA | 359,4 (7) | 0,00695 | 3,1421 | 0,9987 |
| | ABLLAB | 446,8 (5) | 0,00599 | 3,3909 | 0,9659 |
| | ABLLBB | 483,5 (5) | 0,00571 | 3,3907 | 0,9633 |
| | ABLVAA | 368,5 (7) | 0,00711 | 3,4045 | 0,9828 |
| | BLLLAB | 450,6 (5) | 0,00433 | 3,0081 | 0,9985 |
| Nelore X Angus | AALLAA | 429,9 (5) | 0,00591 | 3,1549 | 0,9870 |
| | AALLAB | 462,3 (5) | 0,00598 | 3,3647 | 0,9815 |
| | AALLBB | 487,9 (4) | 0,00616 | 3,4177 | 0,9838 |
| | AALVAB | 468,0 (8) | 0,00741 | 4,2694 | 0,9727 |
| | AALVBB | 454,8 (6) | 0,00714 | 4,0263 | 0,9858 |
| | ABLLAA | 469,3 (5) | 0,00672 | 3,6215 | 0,9813 |
| | ABLLAB | 471,9 (5) | 0,00567 | 3,2044 | 0,9781 |
| ABLVAB | 560,4 (10) | 0,00591 | 3,9079 | 0,9904 | |
| Nelore X Simental | AALLAA | 455,7 (5) | 0,00728 | 3,5064 | 0,9992 |
| | AALLAB | 575,9 (5) | 0,00467 | 3,5940 | 0,9676 |
| | AALLBB | 484,8 (5) | 0,00608 | 3,5302 | 0,9796 |
| | AALVAB | 508,5 (5) | 0,00633 | 3,8922 | 0,9804 |
| | AALVBB | 472,6 (4) | 0,00599 | 3,5425 | 0,9735 |
| | ABLLBB | 512,3 (4) | 0,00566 | 3,2489 | 0,9779 |
| | ABLVAB | 407,7 (7) | 0,00700 | 2,9225 | 0,9981 |
| ABLVBB | 424,8 (5) | 0,00624 | 3,8261 | 0,9982 | |

¹Entre parênteses é apresentado o número de iterações.

Conclusões

O modelo logístico apresentou boa qualidade de ajuste (R² acima de 96%) e ajuste a maioria dos genótipos em estudo, podendo ser utilizado para descrever o crescimento dos animais cruzados ½Nelore + ½Canchim, ½Nelore + ½Aberdeen Angus e ½Nelore + ½Simental.

Referências Bibliográficas

- NELDER, J.A. 1961. The fitting of a generalization of the logistic curve. *Biometrics*, v.17, p.89-110.
- SAS INSTITUTE. 2001. *SAS/STAT User's guide: statistics*, versão 8, v.2, SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.

Agradecimentos

FAPESP, CNPq