

AVALIAÇÃO GENÉTICA DO PESO AO DESMAME DE BOVINOS CANCHIM UTILIZANDO AS METODOLOGIAS REML E INFERÊNCIA BAYESIANA

AUTORES

FÁBIO LUIZ BURANELO TORAL¹, MAURÍCIO MELO DE ALLENCAR², ALFR EDO RIBEIRO DE FRETAS²

¹ Estudante de Mestrado da UNESP - Jaboticabal, Programa de Pós Graduação em Zootecnia (Genética e Melhoramento Animal), bolsista da FAPESP, flbtoral@hotmail.com

² Pesquisador da Embrapa Pecuária Sudeste, Caixa Postal 339, São Carlos, SP, CEP 13560-970, bolsista do CNPq, mauricio@cnpq.embrapa.br, ribeiro@cnpq.embrapa.br

3

4

5

6

7

8

9

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi comparar as metodologias REML e Inferência Bayesiana (IB) na estimação de parâmetros genéticos do peso ao desmame (PD) de bovinos Canchim. O PD foi analisado por meio de um modelo animal que incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (ano e mês de nascimento), sexo do bezerro e idade da vaca como covariável (linear e quadrática) e como aleatórios, os efeitos genéticos aditivos direto e materno, de ambiente materno permanente e residual. Os pesos foram analisados sem padronização para a idade, considerando-se a idade do animal ao desmame como covariável (linear); padronizando-se PD para 240 dias, utilizando-se o ganho diário de peso do nascimento ao desmame e sem nenhuma correção para a idade do animal no dia da pesagem. Os componentes de (co)variância foram estimados pelas metodologias REML e IB e os valores genéticos foram preditos pelo BLUP. As estimativas de variância genética aditiva direta e materna obtidas por IB foram superiores às obtidas por REML, enquanto que as estimativas de covariância entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno, a variância do efeito materno permanente e a variância residual foram maiores para REML. Houve também diferença entre os componentes de (co)variância estimados utilizando-se as diferentes formas de padronização do peso dos animais, independente da metodologia utilizada, proporcionando, assim, alteração na classificação dos touros e vacas selecionados com base no maior valor genético direto.

PALAVRAS-CHAVE

Ajuste Amostrador de Gibbs BLUP Componentes de (Co)variância

TITLE

GENETIC EVALUATION OF WEANING WEIGHT OF CANCHIM CATTLE BY REML AND BAYESIAN METHOD

ABSTRACT

The objective of this work was to compare REML and Bayesian (BM) methods in the estimation of genetic parameters of weaning weight (WW) of Canchim cattle. WW was analyzed by an animal model with fixed effects of contemporary groups (year and month of birth), calf sex, and dam age as a covariable (linear and quadratic), and genetic additive direct and maternal, maternal permanent environment and residual random effects. Weaning weight was analyzed without adjusting for age, but considering age as a covariable (linear); adjusting WW to 240 days, using the average daily gain from birth to weaning; and not adjusting WW for weaning age. (Co)variance components were estimated by REML and BM methods and breeding values were predicted by BLUP. The estimates of additive direct and maternal variances obtained by BM were greater than by REML, but covariance

between additive direct and maternal effects, maternal permanent environment variance and residual variance obtained by REML were greater than by BM. There is difference among (co)variance components estimated from different kinds of adjustment, independently of method, causing changes in rankings of bulls and cows selected based on greater direct breeding values.

KEYWORDS

Adjust, BLUP, (Co)variance Componentes, Gibbs Sampling,

INTRODUÇÃO

A raça Canchim é uma raça sintética, que começou a ser formada em 1940 e permanece em estado de contínuo desenvolvimento. Paralelamente a este desenvolvimento, a avaliação genética para identificação de animais superiores dentro da raça é importante e contribui para melhorar os índices produtivos da pecuária nacional.

Um passo fundamental no processo de avaliação genética é a estimação dos componentes de (co)variância, em geral utilizando-se um modelo animal, e a posterior utilização desses componentes na solução do sistema de equações dos modelos mistos, para predizer os valores genéticos dos animais. O método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), desenvolvido por PATTERSON e THOMPSON (1971), é o mais usado atualmente para estimar os componentes de (co)variância e baseia-se no princípio da maximização da função densidade de probabilidade das observações.

Outra metodologia que vem recebendo destaque em várias áreas científicas, entre elas a genética quantitativa, é a Inferência Bayesiana (IB), desenvolvida por Thomas Bayes no século XVIII. Sua principal diferença com a estatística tradicional ou freqüentista é que sob o enfoque bayesiano, os parâmetros possuem distribuição anterior, a qual reflete o estágio de conhecimento acumulado sobre os mesmos e são tratados como variáveis aleatórias (MASCIOLI, 2000).

O objetivo deste trabalho foi comparar as metodologias da Máxima Verossimilhança Restrita e Inferência Bayesiana quanto à estimação de parâmetros genéticos do peso ao desmame de bovinos Canchim, ajustado ou não à idade do animal no dia da pesagem.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados 5.614 dados de peso ao desmame de bovinos da raça Canchim, nascidos entre os anos de 1954 e 2000, pertencentes à Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP. Os dados se referem a animais alimentados em regime exclusivo de pastagem com suplementação mineral, são filhos de 270 touros e de 1.829 vacas. Somente dados dos animais desmamados dos 180 aos 300 dias de idade fizeram parte da análise. O arquivo genealógico incluiu até os animais da raça Charolesa e Zebuínos que deram início à formação da raça Canchim, totalizando-se 10.492 animais.

O peso ao desmame foi analisado por meio de um modelo animal que incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (ano e mês de nascimento), sexo do bezerro e idade da vaca como covariável (efeito linear e quadrático) e, como aleatórios, os efeitos genéticos aditivos direto e materno, de ambiente materno permanente e residual. Os pesos foram analisados sob três formas: a) sem padronização para a idade, isto é, a idade do animal no dia da pesagem foi considerada como covariável linear (arq1); b) padronização dos pesos ao desmame para 240 dias por meio de ajuste linear (arq2); e c) sem correção para a idade do animal no dia da pesagem (arq3). A padronização dos pesos ao desmame para a idade de 240 dias foi feita em apenas 5.565 animais, pois os demais não possuíam o peso ao nascimento.

Os componentes de (co)variância foram estimados pela metodologia REML utilizando-se o programa MTDFREML (BOLDMAN et al., 1993). Como critério de convergência para a estabilização do valor de $-2 \text{ Log } L$ foi considerado o valor de 10⁻⁹; as análises eram reiniciadas até que o mesmo valor de $-2 \text{ Log } L$ fosse obtido três vezes seguidas, tentando-se garantir que a função de verossimilhança tivesse alcançado o máximo global e não local. Os componentes de (co)variância estimados por IB foram obtidos com o programa MTGSAM (VAN TASSEL e VAN VLECK, 1995), utilizando-se o amostrador de Gibbs com uma cadeia de 600.000 ciclos, descartando-se os 100.000 iniciais e obtendo uma amostra dos componentes a cada 100 ciclos. Neste caso, admitiu-se que os componentes de (co)variância iniciais eram não-informativos. A partir dos componentes de (co)variância estimados, foram preditos os valores genéticos (BLUP) para o efeito direto e materno.

Foi simulado um processo de seleção em que apenas 10% dos machos (27 touros) e 50% das fêmeas (915 vacas), teriam a oportunidade de permanecer no rebanho, com base no valor genético direto para o peso ao desmame. Foram comparados entre si o número de animais selecionados pelas duas metodologias.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 1 são apresentados os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para o peso ao desmame (PD) de bovinos Canchim, estimados pelas metodologias REML e IB, utilizando-se dados ajustados ou não para a idade do animal ao desmame. As estimativas de variância genética aditiva direta e materna, obtidas por IB, foram superiores às obtidas por REML, enquanto que as estimativas de covariância entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno, a variância do efeito materno permanente e a variância residual foram maiores para REML do que para IB, concordando com os resultados obtidos por MAGNABOSCO (1997) e NOBRE (2001), estudando características de crescimento em Nelore. Todavia, DUANGJINDA et al. (2001), trabalhando com dados simulados, obtiveram estimativas de componentes semelhantes por REML e IB.

Uma possível explicação para as diferenças nos componentes de (co)variância é que as pressuposições adotadas no método REML, como a distribuição normal multivariada, podem não ser adequadas em algumas situações, como para dados de campo, que geralmente são desbalanceados (Van Tassel e Pollak, 1994 citados por MAGNABOSCO, 1997). Sendo assim, a IB pode ser preferível à REML, principalmente para a avaliação genética em situações em que as condições não são controladas e os dados são desbalanceados e/ou quando as pressuposições assumidas pela REML não são atendidas.

Houve também diferenças entre os componentes de (co)variância estimados, utilizando-se as diferentes formas de padronização do peso dos animais, independente da metodologia utilizada, o que concorda com LÔBO e MARTINS FILHO (2002), diferenças estas que podem resultar em diferenças no ganho genético e na ordem de classificação dos animais. As diferenças observadas entre os métodos para estimação dos componentes de (co)variância e padronização dos pesos teriam menor efeito sobre a seleção massal do que sobre a identificação de animais elite, concordando com LÔBO e MARTINS FILHO (2002). Todavia, é necessário que se utilize o método mais adequado para maximizar o progresso genético.

Uma consideração importante a ser feita é que, caso sejam considerados os dados de animais nascidos em fazendas onde se adota estação de monta definida, a não consideração da idade do animal ao desmame na avaliação desta característica pode ser uma forma de beneficiar as vacas com parto no início da estação e, sendo o desmame realizado em uma única data, seus bezerros seriam mais velhos e teriam mais tempo para ganhar peso.

A Tabela 2 apresenta o número de touros e vacas da raça Canchim selecionados em comum pelas metodologias REML e IB, pelo valor genético direto para PD, usando dados ajustados ou não para a idade do bezerro ao desmame. Houve similaridade entre os possíveis animais selecionados. Quando o peso não é ajustado para 240 dias e a idade ao desmame não é considerada no modelo, os mesmos animais (touros e vacas) selecionados por REML seriam selecionados por IB. Dos 27 touros e 915 vacas selecionados, 22 (81%) e 834 (91%), respectivamente, estiveram presentes em todas as seleções. LÔBO e MARTINS FILHO (2002) também observaram diferenças entre os touros classificados e alteração das posições.

CONCLUSÕES

O uso da metodologia utilizada para a estimação dos componentes de (co)variância, isto é, Máxima Verossimilhança Restrita e Inferência Bayesiana e ainda, o critério utilizado para a padronização dos pesos de bovinos Canchim à desmama, resultam em diferenças no ganho genético e na ordem de classificação dos animais selecionados.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. et al. A set of programs to obtain estimates of variance and covariances [DRAFT]. Lincoln: Department of Agriculture/ Agricultural Research Service, 1993.
2. DUANGJINDA, M.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J.K. et al. The empirical bias estimates by restricted maximum likelihood, bayesian method, and method R under selection for additive, maternal, and

- dominance model. *Journal of Animal Science*, v.79, n.12, p.2991-2996, 2001.
3. LÔBO, R.N.B.; MARTINS FILHO, R. Avaliação de métodos de padronização de pesos corporais às idades de 205, 365 e 550 dias. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.31, n.4, p. 1695-1706, 2002.
 4. MAGNABOSCO, C.U. Estimativas de parâmetros genéticos em características de crescimento de animais da raça Nelore usando os métodos de máxima verossimilhança restrita e amostragem de Gibbs. Ribeirão Preto, SP: USP, 1997. 83p. Tese (Doutorado em Ciências) – Universidade de São Paulo / Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, 1997.
 5. MASCIOLI, A.S. Interação genótipo x ambiente sobre o desempenho de animais canchim e cruzados canchim x nelore. Jaboticabal, SP: UNESP, 2000. 99p. Tese (Doutorado em Produção Animal) – Universidade Estadual Paulista / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2000.
 6. NOBRE, P.R.C. Analysis of sequential weights of Nelore cattle using multiple trait and random regression models. Viçosa, MG: UFV, 2001. 151p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2001.
 7. PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery on inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*, v.58, n.3, p.545-554, 1971.
 8. VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D. A manual for use of MTGSAM. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance components estimation (DRAFT). Lincoln: Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995, 86p.

TABELA 1. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos e fenotípicos para o peso ao desmame de bovinos Canchim, obtidos pelas metodologias Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e Inferência Bayesiana (IB), utilizando-se dados ajustados ou não para as idades^{a,b}

Parâmetros ^c	REML			IB		
	Arq1	Arq2	Arq3	Arq1	Arq2	Arq3
VAD	220,16	194,05	236,00	265,38 (0,59)	240,19 (0,58)	281,56 (0,63)
VAM	64,44	66,60	63,99	115,66 (0,37)	120,06 (0,39)	113,80 (0,40)
CDM	-38,75	-31,34	-45,87	-66,56 (0,36)	-61,10 (0,37)	-73,79 (0,38)
VMP	122,89	120,63	124,20	104,32 (0,25)	102,07 (0,25)	105,89 (0,26)
VR	432,78	452,76	435,99	410,12 (0,35)	429,19 (0,34)	413,20 (0,36)
VT	801,52	802,70	814,29	828,92 (0,31)	830,41 (0,31)	840,67 (0,31)
h_d^2	0,27 (0,04)	0,24 (0,04)	0,29 (0,05)	0,32 (0,00)	0,29 (0,00)	0,33 (0,00)
h_m^2	0,08 (0,03)	0,08 (0,03)	0,08 (0,03)	0,14 (0,00)	0,14 (0,00)	0,14 (0,00)
r_{dm}	-0,33 (0,14)	-0,28 (0,15)	-0,37 (0,14)	-0,38 (0,00)	-0,35 (0,00)	-0,41 (0,00)
c^2	0,15 (0,02)	0,15 (0,02)	0,15 (0,02)	0,13 (0,00)	0,12 (0,00)	0,13 (0,00)
e^2	0,54 (0,03)	0,56 (0,03)	0,54 (0,03)	0,50 (0,00)	0,52 (0,00)	0,49 (0,00)

^bArq1: idade do bezerro ao desmame (considerada como covariável linear); Arq2: ajuste linear do peso ao desmame para 240 dias de idade; e Arq3: a idade do animal ao desmame não é considerada.

^bOs números entre parênteses correspondem ao erro-padrão das estimativas.

^cVariância genética aditiva direta (VAD) e materna (VAM), covariância entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno (CDM), variância do efeito materno permanente (VMP), variância residual (VR), variância total (VT), \bar{a} (versão 3)

herdabilidade direta (h_d^2), herdabilidade materna (h_m^2), correlação genética entre efeito genético aditivo direto e materno (r_{dm}), proporção da variância total devido ao efeito materno permanente (c^2) e proporção da variância total devido ao resíduo (e^2). Os valores entre parêntesis representam o erro padrão da estimativa.

TABELA 2. Número de touros (acima da diagonal) e vacas (abaixo da diagonal) da raça Canchim, selecionados em comum pelas metodologias de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e Inferência Bayesiana (IB), pelo maior valor genético direto para peso ao desmame, utilizando-se dados ajustados ou não^a

		REML			IB		
		Arq1	Arq2	Arq3	Arq1	Arq2	Arq3
REML	Arq1	27 915	26	25	26	25	25
	Arq2	887	27 915	24	25	24	24
	Arq3	877	854	27 915	25	24	27
IB	Arq1	878	865	890	27 915	26	25
	Arq2	870	875	861	882	27 915	24
	Arq3	877	854	915	890	861	27 915

^aArq1 (considerando-se a idade do bezerro ao desmame como covariável linear); Arq2 (considerando-se o peso ao desmame padronizado para 240 dias de idade); Arq3 (desconsiderando a idade do animal ao desmame).