



Avaliação de Diferentes Modelos para Estimação de Parâmetros Genéticos para Características de Crescimento em Bovinos da Raça Canchim¹

Fernando Baldi², Mauricio Mello de Alencar^{3,5}, Lucia Galvão de Albuquerque^{4,5}, Pedro Franklin Barbosa³

¹Parte da tese de doutorado do primeiro autor, financiada pela FAPESP.

²Doutorando do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal – UNESP/Jaboticabal. Bolsista da FAPESP.

³Embrapa Pecuária Sudeste. ⁴DZ-MGA - FCAV - Unesp. ⁵Bolsista do CNPq

Resumo: O objetivo neste trabalho foi avaliar diferentes modelos, em relação aos efeitos aleatórios considerados, para características de crescimento e, subsequentemente, estimar os parâmetros genéticos para estas características em bovinos da raça Canchim. As características peso à desmama, pesos padronizados para 12 e 18 meses de idade, em machos e fêmeas, e peso adulto de fêmeas, foram analisadas utilizando-se cinco modelos, em que diferentes efeitos aleatórios foram adicionados em seqüência. O peso à desmama é mais influenciado pelos efeitos maternos que pelos genes para crescimento do próprio animal. No entanto, após a desmama, os pesos são mais influenciados pelos genes do próprio animal. Os valores de herdabilidade sugerem que é possível obter respostas baixas a moderadas à seleção para características de crescimento a idades jovens e altas na idade adulta.

Palavras-chave: avaliação de modelos, características de crescimento, parâmetros genéticos

Evaluation of different models for estimation of genetic parameters for growth traits in Canchim cattle

Abstract: The objectives in this study were to evaluate different models with regard to the random effects for growth traits and, subsequently, to estimate genetic parameters for these traits in beef cattle of the Canchim breed. Weaning weights, weights adjusted for 12 and 18 months of age, of males and females, and mature weight of females, were analyzed using five models with different random effects. Results indicated that weaning weight is more influenced by maternal effects than by the genes of the animal for growth. However, after weaning, weights were more influenced by the genes of the animal. Heritability estimates suggest that is possible to obtain low to moderate responses to selection for early growth traits and high response at mature age.

Keywords: genetic parameters, growth traits, model evaluation

Introdução

Em gado de corte, os efeitos maternos devem ser considerados na estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento, já que, nestas características, tanto o genótipo do próprio animal como o genótipo da sua mãe afetam o crescimento do animal. Segundo Meyer (1997), os modelos que não levam em consideração o efeito aditivo materno, conduzem a superestimação das estimativas de herdabilidade direta. O objetivo neste trabalho foi avaliar diferentes modelos, em relação aos efeitos aleatórios considerados, para características de crescimento e, subsequentemente, estimar parâmetros genéticos para estas características em bovinos da raça Canchim.

Material e Métodos

Os dados utilizados neste trabalho são provenientes do rebanho da raça Canchim da Embrapa Pecuária Sudeste, localizada no município de São Carlos, São Paulo. Os animais desse rebanho foram criados em regime exclusivo de pastagens, recebendo suplementação mineral durante todo o ano. Neste trabalho foram estudadas as características peso à desmama ajustado para 240 dias de idade (PD), peso padronizado para 12 meses de idade (P12), peso padronizado para 18 meses de idade (P18) e peso adulto (PAD). Para PD, P12 e P18 foram utilizados registros de 7.821, 6.949 e 6.256 animais, machos e fêmeas, respectivamente, e para PAD foram utilizados registros de 1.198 fêmeas. O PAD correspondeu ao peso logo após o parto, para vacas de 4 a 10 anos, considerando-se apenas um peso para cada vaca e, no caso da vaca possuir mais de um peso, considerou-se aquele mais próximo aos seis anos de idade. As médias e os desvios padrão de PD, P12, P18 e PAD foram 204 e 37, 220 e 47, 291 e 61 e 499 e 66, respectivamente. Nos modelos de análise, para as características PD, P12 e P18, considerou-se como efeito fixo o grupo de contemporâneos definido como animais do mesmo sexo, mês e ano de nascimento, e para PAD foi definido como animais que nasceram no mesmo mês e ano de nascimento. Foram

incluídas no modelo como covariáveis a idade da mãe ao parto (efeitos linear e quadrático) para PD, P12 e P18, e a idade do animal ao parto (efeitos linear e quadrático) para PAD. Para obtenção dos parâmetros genéticos, os componentes de variância e de covariância foram estimados pelo método de máxima verossimilhança restrita livre de derivadas, utilizando-se o programa computacional MTDFREML (Boldman et al., 1993). As características foram analisadas utilizando-se cinco modelos em que diferentes efeitos aleatórios foram adicionados em seqüência. Os modelos utilizados foram:

Modelo 1: $y = X\beta + Z_1g + e$; Modelo 2: $y = X\beta + Z_1g + Z_2m + e$, com $r_{gm}=0$; Modelo 3: $y = X\beta + Z_1g + Wc + e$, com $r_{gm}=0$; Modelo 4: $y = X\beta + Z_1g + Z_2m + Wc + e$, com $r_{gm}=0$; e Modelo 5: $y = X\beta + Z_1g + Z_2m + Wc + e$, com $r_{gm}\neq 0$. Em que: y , é o vetor das observações; β , o vetor dos efeitos fixos; g , o vetor dos efeitos genéticos aditivos diretos dos animais; m , o vetor dos efeitos genéticos maternos dos animais; c , vetor de efeitos de ambiente permanente materno; e , o vetor dos efeitos residuais; r_{gm} , a correlação genética entre g e m ; X , Z_1 , Z_2 e W são matrizes de incidência que associam os efeitos apropriados a y . Neste estudo, assumiu-se que $E[y]=Xb$; $\text{Var}(\mathbf{a}) = \mathbf{A} \ddot{\mathbf{A}} S_a$; $\text{Var}(\mathbf{m}) = \mathbf{A} \ddot{\mathbf{A}} S_m$; $\text{Var}(\mathbf{c}) = \mathbf{I} \ddot{\mathbf{A}} S_c$ e $\text{Var}(\mathbf{e}) = \mathbf{I} \ddot{\mathbf{A}} S_e$, em que S_a é a matriz de covariâncias genéticas aditivas; S_m , a matriz de covariâncias genéticas maternas; S_c , a matriz de covariâncias de ambiente permanente materno; S_e , a matriz de covariância residual; \mathbf{A} , a matriz do numerador de relações genético-aditivas; \mathbf{I} , a matriz identidade; e $\ddot{\mathbf{A}}$, o produto direto entre matrizes. Para verificar a significância dos efeitos aleatórios incluídos nos modelos e definir os modelos mais adequados, foi utilizado o teste de razão de verossimilhança (LRT) (Dobson, 1990). Foi considerado em todas as análises o critério de convergência de 10^{-9} , e foi utilizado um arquivo de “pedigree” com 12.508 animais.

Resultados e Discussão

Os dados analisados incluíram, em média, vacas com 3,68 filhos, touros com 13,6 filhas e 59,3 netos(as). A estrutura familiar é muito importante para a partição dos efeitos genéticos direto e materno e do efeito de ambiente permanente materno. Na Tabela 1 podem ser observadas a redução na estimativa do $-2 \ln L$ e a significância desta redução, causada pela utilização de diferentes modelos, para a análise de cada uma das características.

Tabela 1. Redução nas estimativas do $-2 \ln L$ e sua significância causada pela utilização de diferentes modelos para a análise do peso à desmama (PD), pesos padronizados para 12 (P12) e 18 (P18) meses de idade e peso à idade adulta (PAD).

Característica	Redução do $-2 \ln L^1$ estimado			
	Modelo1-Modelo2	Modelo1-Modelo3	Modelo2-Modelo4	Modelo4-Modelo5
PD	281,0**	306,3**	51,5**	13,7**
P12	80,8**	85,5**	18,1**	1,5NS
P18	50,6**	45,3**	7,03**	0,041NS
PAD	0,17NS	0,01NS	0,17NS	0,05NS

** $P < 0,01$, NS-não significativo. ¹ L =função de verossimilhança

Conforme pode ser observado na Tabela 1, com exceção do PAD, houve redução significativa do $-2 \ln L$ estimado quando os efeitos aleatórios aditivo materno e de ambiente permanente materno foram incluídos no modelo de análise (modelo 4), em relação ao modelo inicial (modelo 1) que considerava como aleatório apenas o efeito genético aditivo direto dos animais. Quando os efeitos direto e materno foram considerados correlacionados (modelo 5) houve redução significativa do $-2 \ln L$ estimado, em relação ao modelo 4, apenas para a característica PD. O valor de correlação genética estimado entre os efeitos direto e materno para PD foi negativo e de magnitude moderada (-0,46). Neste sentido, Meyer (1997) mostrou que estimativas de covariância entre efeitos direto e materno altas e negativas estão associadas com a superestimação dos componentes de variância dos efeitos genéticos aditivos direto e materno. Desta forma, foi considerado que seria mais adequado estimar os parâmetros mantendo esta correlação nula. Na Tabela 2 podem ser observadas as estimativas de parâmetros genéticos obtidas utilizando-se os modelos considerados adequados.

Tabela 2. Estimativas de parâmetros genéticos para as características peso à desmama (PD), pesos padronizados para 12 (P12) e 18 (P18) meses de idade e peso à idade adulta (PAD).

Característica	Modelo	h_d^2	h_m^2	c^2
PD	4	0,21 ± 0,03	0,09 ± 0,02	0,14 ± 0,02
P12	4	0,19 ± 0,03	0,06 ± 0,02	0,08 ± 0,02
P18	4	0,15 ± 0,03	0,06 ± 0,02	0,05 ± 0,02
PAD	1	0,38 ± 0,08		

¹ h_d^2 =herdabilidade do efeito direto; h_m^2 = herdabilidade do efeito materno; c^2 = efeito de ambiente permanente materno; e^2 =resíduo.

As estimativas de h_d^2 de PD, P12 e P18 foram baixas, enquanto que a herdabilidade de PAD foi moderada. As estimativas de herdabilidade para os efeitos genéticos materno (h_m^2) foram de magnitude baixa com erros-padrão elevados, o que pode indicar estimativas pouco confiáveis. Mello et al. (2006), relataram herdabilidades superiores para PD, P12 e PAD, sendo os valores iguais a 0,38, 0,40 e 0,54, respectivamente. Mello et al. (2002) relataram herdabilidades para o efeito materno para PD e P12 que estão de acordo com as obtidas neste trabalho. Na Tabela 3 podem ser observadas as estimativas de correlações e covariâncias genéticas entre as características obtidas em análises bi-característica.

Tabela 3. Estimativas de covariâncias (abaixo da diagonal) e de correlações (acima da diagonal) do efeito genético aditivo entre as características peso à desmama (PD), pesos padronizados para 12 (P12) e 18 (P18) meses de idade e peso à idade adulta (PAD).

Característica	Modelo	PD	P12	P18	PAD
PD	4	-	0,93	0,87	0,81
P12	4	254	-	0,98	0,86
P18	4	249	650	-	0,76
PAD	1	487	582	544	-

De modo geral, as correlações genéticas entre as características foram de magnitude moderada a alta e positivas, indicando que características de crescimento são determinadas, em grande parte, pelos mesmos genes. Os valores de correlação sugerem que, a seleção para maior peso a idades jovens acarretará incremento no peso adulto da fêmea.

Conclusões

O peso obtido à desmama é mais influenciado pelos efeitos maternos que pelos genes para crescimento do próprio animal. No entanto, após a desmama, os pesos são mais influenciados pelos genes do próprio animal. As estimativas de herdabilidade sugerem que é possível obter respostas baixas a moderadas à seleção para características de crescimento a idades jovens e altas na idade adulta.

Literatura citada

BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; Van VLECK, L.D. et al. **A manual for use for MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances**. Lincoln: Department of Agricultural; Agricultural Research Service, 1995. 129p.

DOBSON, A.J. **An introduction to generalized linear models**. Melbourne: Chapman and Hall, 1990. 174p.

MEYER, K. Estimates of genetic parameters for weaning weight of beef cattle fitting a regression on maternal phenotype. **Livestock Production Science**, v.52, p.187-199, 1997.

MELLO, S.P.; ALENCAR, M.M.; TORAL, F.L.B.; GIANLORENÇO, V.K. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento e produtivas em vacas da raça Canchim, utilizando-se inferência bayesiana. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.1, p.92-97, 2006.

MELLO, S.P.; ALENCAR, M.M.; SILVA, L.O.C.; BARBOSA, R.T.; BARBOSA, P.F. Estimativas de (Co)Variâncias e Tendências Genéticas para Pesos em um Rebanho Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p.1707-1714, 2002.