

## IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

### **Inclusão de animais oriundos da técnica de transferência de embriões, na estimação de parâmetros genéticos de bovinos Simental, via modelos de regressão aleatória**

Rodrigo Reis Mota<sup>1</sup>, Paulo Sávio Lopes<sup>2</sup>, Luiz Fernando Aarão Marques<sup>3</sup>, Francisco Ribeiro de Araújo Neto<sup>4</sup>, Matilde da Conceição Pessoa<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento – UFV/Viçosa. Bolsista da CAPES. e-mail: rreismota@hotmail.com

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia - UFV/Viçosa/ INCT Ciência Animal. Bolsista do CNPq.

<sup>3</sup>Departamento de Zootecnia - Centro de Ciências Agrárias – CCA/UFES/ Alegre-ES.

<sup>4</sup>Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento – FCAV/Jaboticabal.

<sup>5</sup>Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UFV/Viçosa. Bolsista da FAPEMIG.

**Resumo:** Registros de pesos de bovinos Simental, cedidos pela Associação Brasileira de Criadores das Raças Simental e Simbrasil (ABCRSS), foram utilizados na estimação de parâmetros genéticos, mediante inclusão (MRA2) ou não (MRA1), de animais oriundos de transferência de embriões (TE). Foi utilizado um modelo de regressão aleatória de ordem três, para a curva de regressão fixa e para os efeitos aleatórios, genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e ambiente permanente direto. As herdabilidades diretas em MRA1 e MRA2 apresentaram o mesmo comportamento, com oscilações ao longo da curva de crescimento e foram levemente superiores em MRA1, variando em torno de 0,1 a 0,5, e, em MRA2, variou entre 0,1 e 0,4. Tais resultados sugerem que a inclusão de animais oriundos da técnica de transferência de embriões, pode ser feita utilizando-se modelos de regressão aleatória, visto que proporcionaria potencial ganho em acurácia e maiores ganhos genéticos por unidade de tempo, em razão da redução do intervalo de gerações.

**Palavras-chave:** acurácia, herdabilidade, peso corporal

### **Inclusion of animals from embryo transfer technique in genetic parameters estimation using random regression models in Simmental beef cattle**

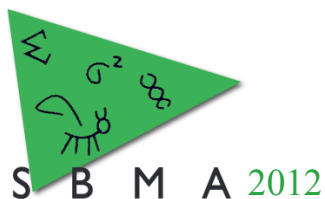
**Abstract:** Weight records from Simmental beef cattle provided by the Associação Brasileira dos Criadores das Raças Simental e Simbrasil (ABCRSS) were used in genetic parameters estimation by with (RRM2) or without inclusion (RRM1) of animals from the technique of embryo transfer (ET). A model with order three for the fixed curve and random effects (direct additive genetic, maternal additive genetic, maternal permanent environment and direct permanent environment) was used. The direct heritabilities in RRM1 and RRM2 showed the same behavior with oscillations along the growth curve and were slightly higher in RRM1, ranging around 0.1 to 0.5, and in RRM2 ranged among 0.1 and 0.4. These results suggest that the inclusion of animals from the technique of embryo transfer can be done using random regression models, inasmuch would provide potential accuracy gains and greater genetic gains per unit time.

**Keywords:** body weight, (co)variance components, genetic evaluation, heritability

#### **Introdução**

Nas últimas décadas, o uso da técnica de transferência de embriões (TE) em animais de produção proporcionou enorme progresso científico, sobretudo, na espécie bovina, como uma das biotecnologias da reprodução empregadas.

Os modelos de regressão aleatória têm sido utilizados como alternativa para modelar características longitudinais, como o crescimento em bovinos de corte. A aplicação desses modelos permite estimar parâmetros genéticos para qualquer idade desejada e permite a utilização eficiente de toda a informação disponível de cada animal, uma vez que todas as medidas do animal e de seus parentes são utilizadas para a avaliação genética. Além disso, a utilização desses modelos permite, também,



## IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

considerar mudanças na média e variâncias da característica ao longo do tempo, assim como estimar o ponto de maior herdabilidade e conseqüente maior ganho genético por geração.

Aliar a técnica de transferência de embriões ao uso de modelos de regressão aleatória parece ser uma alternativa a ser considerada na avaliação genética dos animais, promovendo, de forma significativa, um avanço no melhoramento animal.

A partir do exposto, este estudo foi desenvolvido com o objetivo de avaliar a inclusão de animais oriundos de TE na estimação de parâmetros genéticos, via modelos de regressão aleatória.

### Material e métodos

Os dados analisados referem-se a pesos de bovinos Simental, e foram cedidos pela Associação Brasileira de Criadores das Raças Simental e Simbrasil (ABCRSS).

Dois arquivos foram utilizados para as análises (MRA1 e MRA2). MRA1, composto por 29.510 registros de 10.659 animais, consiste no procedimento adotado, usualmente, nas avaliações genéticas, em que, animais providos de TE são eliminados. Em MRA2, composto por 62.895 registros de 23.160 animais, esses indivíduos foram incluídos e foi adotada a metodologia proposta por Van Vleck (1990). A estimação dos parâmetros genéticos foi feita pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e obtidos pela utilização do programa WOMBAT, (Meyer, 2007).

O modelo de regressão aleatória de ordem três para a curva de regressão fixa e para os efeitos aleatórios, genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e ambiente permanente direto foi utilizado nas análises.

### Resultados e discussão

As estimativas de herdabilidades genéticas diretas ( $h^2_d$ ) foram, de maneira geral, semelhantes nos dois modelos e de média magnitude, sendo que aquelas obtidas por MRA1 foram ligeiramente superiores às obtidas por MRA2. Estas herdabilidades decresceram, a partir dos 60 aos 200 dias, aproximadamente, quando uma ascendência foi observada até próximo dos 600 dias, onde um novo declínio se sucedeu (Figura 1). Tais resultados estão de acordo com os encontrados por Krejcová et al. (2007) que ao trabalharem com bovinos da raça Simental obtiveram o mesmo comportamento de  $h^2_d$ .

Nas estimativas de herdabilidades genética materna ( $h^2_m$ ), os comportamentos foram divergentes e em MRA1,  $h^2_m$  variou de 0,04 até 0,14, enquanto que em MRA2 esta variação foi de 0,01 à 0,11 (Figura 1). Em ambos os modelos foi observada uma oscilação durante a trajetória, com ascendência, declínio e novo incremento. Todavia, em MRA1 o declínio iniciou-se por volta dos 240 dias até em torno dos 450, onde um novo acréscimo foi constatado. Já em MRA2, o declínio foi a partir dos 60 dias, com nova ascendência por volta dos 240. Já, as estimativas do componente de ambiente permanente materno ( $mp^2$ ), como proporção da variância fenotípica, para MRA2, foram divergentes de MRA1. MRA1 apresentou crescimento contínuo ao longo da curva e MRA2 apresentou uma oscilação, dos 60 aos 260 dias, idade a partir da qual se iniciou um declínio abrupto até o final da trajetória (Figura 1).

Para o componente de ambiente permanente direto ( $p^2$ ), MRA1 e MRA2 apresentaram similaridade no comportamento da curva, que foi crescente dos 60 até os 240 dias, com ligeiro decréscimo em torno dos 300 dias, e leve aumento até o final da curva (Figura 1).

Com declínio a partir dos 100 dias de idade, as estimativas do componente residual ( $e^2$ ) foram semelhantes em MRA1 e MRA2 e levemente inferiores, em MRA2. Valores de magnitude inferior para MRA2 podem indicar potencial ganho em acurácia se estes animais forem incluídos nas análises. Já, desta igualdade de comportamento, pode-se inferir que o uso de animais de TE, desde que com a utilização de metodologias apropriadas, é viável na avaliação genética de bovinos Simental (Figura 1). Porém, estudos mais detalhados e resultados mais contundentes não necessários para indicar de fato a inclusão destes animais na avaliação genética da raça Simental.

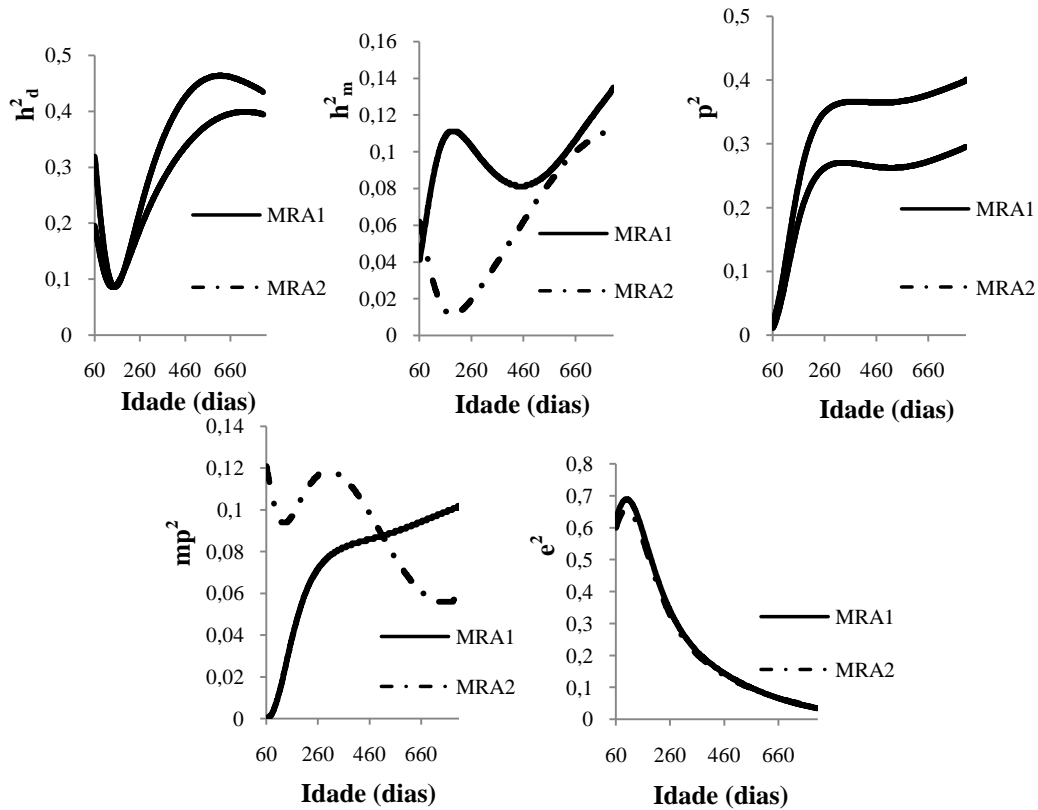


Figura 1 Herdabilidades direta ( $h^2_d$ ), materna ( $h^2_m$ ), e proporções das variâncias de ambiente permanente direto ( $p^2$ ), de ambiente permanente materno ( $mp^2$ ), residual ( $e^2$ ) em relação à variância fenotípica total, obtidas para os arquivos MRA1 (linha contínua) e MRA2 (linha segmentada), para peso corporal.

#### Conclusões

A inclusão de animais oriundos de TE pode ser uma alternativa, visto que a inclusão destes proporcionaria um potencial ganho em acurácia e maiores ganhos genéticos, por unidade de tempo, em razão da redução do intervalo de gerações.

#### Agradecimentos

Ao CNPq, CAPES e FAPEMIG pelo apoio financeiro. À Associação Brasileira de Criadores das Raças Simental e Simbrasil (ABCRSS) pela disponibilização do banco de dados.

#### Literatura Citada

- KREJCOVÁ H.; MIELENZ N.; PRIBYL J. et al. Estimation of Genetic Parameters for Daily Gains of Bulls with Multi-Trait and Random Regression Models. *Archiv Tierzucht*, v.50, p.37-46, 2007.
- MEYER, K. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. *Journal Zhejiang University SCIENCE B*, v.8, p. 815–821, 2007.
- VAN VLECK, L.D. Alternative animal models with maternal effects and foster dams. *Journal of Animal Science*, v.68, p.4026-4038, 1990.