

Modelos de avaliação genética para bovinos de corte compostos (*Bos taurus* x *Bos indicus*)

Juliana Petrini¹, José Bento Sterman Ferraz², Joanir Pereira Eler², Elisângela Chicaroni Mattos², Gerson Barreto Mourão³

¹Doutoranda do PPG - Ciência Animal e Pastagens, Bolsista CAPES – ESALQ-USP/Piracicaba-SP. e-mail: juliana.petrini@usp.br

²Departamento de Ciências Básicas – FZEA-USP/Pirassununga-SP. e-mail: jbferraz@usp.br, joapeler@usp.br

³Departamento de Zootecnia – ESALQ-USP/Piracicaba-SP. e-mail: gbmourao@usp.br

Resumo: O objetivo deste trabalho foi comparar modelos de avaliação genética para peso ao nascimento em uma população de bovinos de corte compostos (n=172.145). Parâmetros e valores genéticos foram obtidos por meio do método da máxima verossimilhança restrita sob três modelos: o modelo 1 incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos e classe de idade da mãe ao parto, os efeitos aleatórios genéticos direto, materno e permanente de ambiente, e como covariáveis os efeitos genéticos aditivos e não aditivos; o modelo 2 incluiu os efeitos do modelo 1, à exceção das covariáveis, sendo as mensurações corrigidas para as heterozigoses utilizando-se as estimativas obtidas através do modelo 1; o modelo 3 incluiu os efeitos do modelo 1, à exceção dos efeitos genéticos aditivos. As herdabilidades estimadas foram de 0,29 para o modelo 1; 0,39 para o modelo 2 e 0,31 para o modelo 3, com ganho genético anual de 0,057; 0,066; 0,059 kg; respectivamente. Concluí-se que os efeitos aditivos e não aditivos competem com os efeitos genéticos aleatórios pela mesma fração da variação fenotípica. Assim sendo, a inclusão destes efeitos como covariáveis no modelo pode subestimar a variância genética.

Palavras-chave: efeito aditivo, herdabilidade, heterose, parâmetro genético, peso ao nascimento

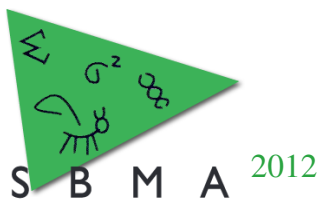
Genetic evaluation models for composite beef cattle (*Bos taurus* x *Bos indicus*)

Abstract: The aim of this study was to compare genetic evaluation models for birth weight in a composite beef cattle population (n = 172,145). Genetic parameters and breeding values were obtained by restricted maximum likelihood method under three models: model 1 included the fixed effects of class of the dam age and contemporary groups, the genetic additive and maternal permanent environmental random effects, and as covariates the additive and non-additive genetic effects; model 2 included the same effects of model 1 except the covariates, being the measurements adjusted for heterozygosity effects through the estimates obtained by model 1; model 3 included the effects of model 1 except additive genetic effects. Heritability estimates were 0.29 for model 1, 0.39 for model 2 and 0.31 for model 3, with annual genetic gain of 0.057, 0.066 and 0.059 kg, respectively. These results allow to conclude that the additive and non-additive genetic effects compete with genetic random effects for the same fraction of phenotypic variation. Thus, the inclusion of these effects as covariates in the model may underestimate the genetic variance.

Keywords: additive effect, birth weight, genetic parameter, heritability, heterosis

Introdução

Os cruzamentos têm se apresentado como uma importante ferramenta no melhoramento animal, visto que permite, por meio das diferenças raciais, a exploração da heterose e complementaridade. Entretanto, apesar das vantagens teóricas e das potencialidades econômicas, aspectos de ordem prática constituem-se obstáculos à adoção dos cruzamentos, limitando ou até mesmo anulando a efetividade desta tecnologia. Dentre estes fatores encontram-se a carência de programas de avaliação genética de animais cruzados no Brasil (Alencar, 2004) e, adicionalmente, o reduzido número de trabalhos que analisem modelos de avaliação genética específicos a estas populações (Elzo & Borjas, 2004; Bocchi et al., 2008), visto que tais modelos estão associados a maior complexidade computacional, maior número de parâmetros genéticos e à problemas como confundimento e multicolinearidade (Elzo & Borjas, 2004). Dessa forma, o objetivo deste estudo foi analisar modelos de avaliação genética de bovinos compostos quanto à estimação dos parâmetros genéticos e à predição do ganho genético anual e tendência genética.



Material e Métodos

Foram utilizadas 172.145 mensurações de peso ao nascimento de uma população de bovinos compostos Montana Tropical[®]. Estes animais são caracterizados pela contribuição genética de diversas raças pré-agrupadas em função de suas origens genéticas, geográficas e das suas aptidões zootécnicas em quatro tipos biológicos, denominados pela sigla NABC (Ferraz et al., 1999). O tipo N é caracterizado por animais zebuínos; o tipo A é representado por bovinos de origem não zebuína adaptados aos trópicos; o tipo B é composto por taurinos de origem britânica e o tipo C por taurinos da Europa Continental.

As análises genéticas basearam-se no modelo matemático: $y = X\beta + Za + Wm + Sc + \varepsilon$; em que: y é o vetor da variável resposta; X é a matriz de incidência dos efeitos fixos, associando os elementos de β à y ; β é o vetor de efeitos fixos; Z , W e S são as matrizes de incidência dos efeitos aleatórios, associando respectivamente os elementos de a , m e c à y ; a é o vetor de efeitos aleatórios aditivos diretos; m é o vetor de efeitos aleatórios aditivos maternos; c é o vetor de efeitos aleatórios não correlacionados do ambiente permanente materno; e ε é o vetor de efeito residual inerente a cada observação, NID (0, σ^2). Quanto aos efeitos incluídos no vetor β , três modelos foram avaliados: (i) o modelo 1 incluiu os efeitos classificatórios de grupo de contemporâneos e classe de idade da mãe ao parto; e como covariáveis as frações dos tipos biológicos A, B e C do animal (TBA, TBB e TBC) e da vaca (TBAM, TBBM e TBCM); as frações das heterozigoses direta (NxA, NxB, NxC, AxB, AxC e BxC) e materna (HM); (ii) o modelo 2 incluiu os efeitos do modelo 1, à exceção das covariáveis associadas aos efeitos aditivos e não-aditivos, sendo as mensurações primeiramente corrigidas para as heterozigoses utilizando-se as estimativas obtidas através do modelo 1; (iii) o modelo 3 incluiu os efeitos do modelo 1, à exceção dos efeitos genéticos aditivos.

As estimativas dos efeitos aditivos nos modelos 1 e 2 foram obtidas como desvios dos efeitos aditivos correspondentes ao tipo biológico N. Os parâmetros e valores genéticos foram obtidos através do procedimento de máxima verossimilhança restrita, considerando-se os modelos 1, 2 e 3. A tendência genética foi predita por intermédio da regressão dos valores genéticos em relação à safra de nascimento.

Resultados e Discussão

As estimativas dos efeitos aditivos obtidas como desvios do tipo biológico N pelo modelo 1 foram de -0,014 kg para TBA, -0,027 kg para TBB, -0,016 kg para TBC, 0,034 kg para TBAM kg, 0,054 kg para TBBM e 0,036 kg para TBCM. Para os efeitos não aditivos, os valores estimados foram de 0,007; 0,018; 0,017; -0,005; -0,003; 0,007 e 0,010 kg para NxA, NxB, NxC, AxB, AxC, BxC e HM; respectivamente. As estimativas obtidas para os efeitos não-aditivos pelo modelo 3 foram próximas às do modelo 1, com diferenças entre 0,001 e 0,004 para as heteroses direta e de 0,019 para a heterose materna.

Comparativamente ao modelo completo (modelo 1), a exclusão dos efeitos aditivos do modelo (modelo 2) acarretou em coeficientes de herdabilidade direta e materna maiores, devido à redução da variância residual e , principalmente ao aumento nas variâncias aditiva e materna (Tabela 1). Com a remoção das covariáveis associadas a estes efeitos, possivelmente estes foram contabilizados juntamente aos efeitos genéticos aleatórios, elevando, portanto, a participação destes na variação fenotípica. Deve-se considerar ainda que o ajuste das mensurações para as heterozigoses pode ser a causa da redução do resíduo, visto que se reduz a variabilidade entre os animais. Entretanto, esta exclusão não ocasionou mudanças expressivas quando as heterozigoses foram consideradas no modelo alternativamente ao pré-ajuste (modelo 3), obtendo-se, portanto, estimativas similares de componentes de covariância para os modelos 1 e 3. Provavelmente, a presença dos efeitos não aditivos influencie na estimação da variância aditiva, detendo uma proporção do efeito devido a esta e , conseqüentemente, diminuindo a sua magnitude. De fato, segundo Bocchi et al. (2008), o ajuste das mensurações para os efeitos não-aditivos visa reduzir a variabilidade devida à heterose sem interferência sobre os efeitos aditivos.

Igualmente ao observado para os componentes de variância, o modelo 2 apresentou o maior ganho genético anual para peso ao nascimento, com predição de 0,066 kg; enquanto para os modelos 1 e 3 os ganhos foram de 0,057 e 0,059 kg por ano, respectivamente. Estes resultados eram esperados, dado que a predição do ganho genético anual é dependente do coeficiente de herdabilidade, o qual foi maior para o

segundo modelo. Por sua vez, as tendências genéticas demonstraram igual comportamento do progresso genético desta característica na população, com pequenas diferenças no valor genético médio (Figura 1).

Tabela 1 Componentes de (co)variância e coeficientes de herdabilidade* para peso ao nascimento obtidos através dos modelos estudados.

Modelo	σ_a^2 (kg ²)	σ_m^2 (kg ²)	σ_{am} (kg)	σ_{ep}^2 (kg ²)	σ_e^2 (kg ²)	σ_p^2 (kg ²)	h^2	h_m^2
1	4,40	0,57	-0,36	0,56	10,40	15,22	0,29	0,04
2	5,82	0,97	-1,08	0,59	9,72	14,94	0,39	0,07
3	4,71	0,63	-0,50	0,56	10,26	15,18	0,31	0,04

* σ_a^2 =variância genética aditiva; σ_m^2 =variância genética materna; σ_{am} =covariância entre o efeito genético aditivo e materno; σ_{ep}^2 =variância devida ao efeito permanente de ambiente; σ_e^2 =variância residual; σ_p^2 =variância fenotípica; h^2 =herdabilidade direta; h_m^2 =herdabilidade materna.

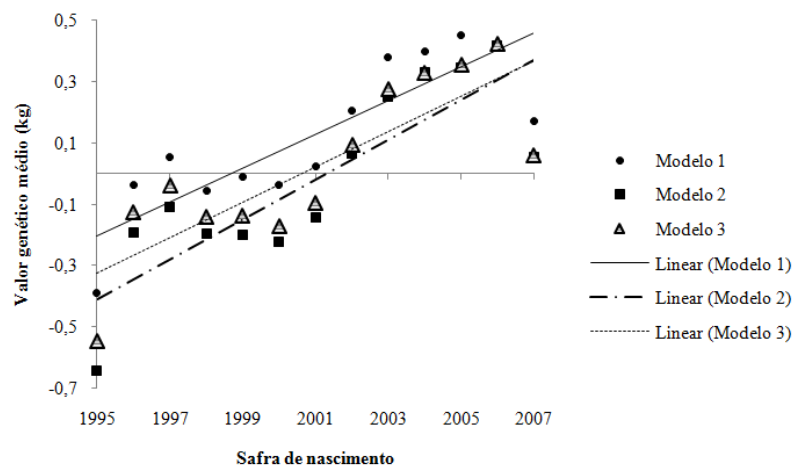


Figura 1 Tendência genética anual para peso ao nascimento predita através dos três modelos estudados.

Conclusões

Os efeitos aditivos e não aditivos competem com os efeitos genéticos aleatórios quando inclusos como covariáveis no modelo de avaliação genética, reduzindo a variância genética e consequentemente, o coeficiente de herdabilidade e ganho genético anual da característica de interesse.

Agradecimentos

Ao Grupo de Melhoramento Animal, da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo (FZEA-USP) por conceder os dados utilizados neste estudo.

Literatura citada

- ALENCAR, M.M. de. Perspectivas para o melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil. In: SIMPÓSIO SOBRE MELHORAMENTO ANIMAL, REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41., 2004, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande: SBZ, 2004.
- BOCCHI, A.L. et al. Avaliação genética multirracial para ganho de peso pré-desmama em bovinos de uma população composta. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 3, n. 7, p. 1207-1215, 2008.
- ELZO, M.A.; BORJAS, A. de los R. Perspectivas da avaliação genética multirracial em bovinos no Brasil. **Ciência Animal Brasileira**, v. 5, n. 4, p. 171-185, 2004.
- FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; GOLDEN, B.L. Análise genética do composto Montana Tropical. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v. 23, p. 111-113, 1999.