

IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

Efeito da linhagem citoplasmática sobre características pré-desmame de bovinos Nelore

Rachel Santos Bueno¹, Elisângela Chicaroni de Mattos², José Bento Sterman Ferraz¹, Joanir Pereira Eler¹, Gerson Barreto Mourão³

¹Professor(a) do Departamento de Ciências Básicas, USP/FZEA/Pirassununga, SP. e-mail: rduino@usp.br

²Técnica em Informática do Departamento de Ciências Básicas, USP/FZEA/Pirassununga, SP.

³Professor do Departamento de Zootecnia, USP/ESALQ/Piracicaba, SP.

Resumo: A herança materna do mtDNA tem sido proposta como um tipo de variação genética que deve ser introduzida nos modelos de análise. Objetivou-se com o estudo avaliar o efeito da linhagem citoplasmática sobre as características peso ao nascer (PN), peso ao desmame (PD) e ganho médio diário pré-desmama (GMD) de, respectivamente, 121.680, 124.693 e 109.136 registros de bovinos da raça Nelore. A linhagem citoplasmática foi estudada traçando-se o pedigree dos animais até as fêmeas fundadoras do rebanho. Com o intuito de apresentar estimativas de (co)variâncias para as características, incluindo-se ou não o efeito de linhagem citoplasmática, foram analisados dois modelos pela máxima verossimilhança restrita livre de derivada. Os componentes de variância de linhagem citoplasmática foram iguais a 0,02; 0,94; e 0,00 e contribuíram com 0,19; 0,29 e 0,34 % da variância fenotípica total, para PN, PD e GMD, respectivamente. Estes resultados indicam a pouca contribuição do efeito citoplasmático na determinação das características estudadas. Modificação na estruturação do modelo de análise pode promover a correta avaliação da importância destes efeitos.

Palavras-chave: efeito citoplasmático, ganho médio diário, peso ao desmame, peso ao nascer

Effect of cytoplasmic lineage on preweaning traits of Nelore Cattle

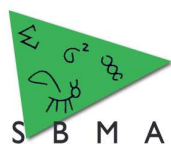
Abstract: The maternal inheritance of mtDNA has been proposed as a type of genetic variation should be introduced into the analytical models. The objective of the study was to evaluate the effect of cytoplasmic lineage on birth weight (BW), weaning weight (WW) and average daily gain pre-weaning (ADG), respectively of 121,680, 124,693 and 109,136 records of Nelore cattle. The cytoplasmic lineage of each cow was traced back to the first female ancestors in the maternal line of its pedigree. The estimates of (co) variances for traits including or not the cytoplasmic lineage effect, performed by univariate analyses were evaluated according two models using the derivative-free restricted maximum likelihood method. The components of cytoplasmic lineage variance were 0.02, 0.94, and 0.00 and accounted for 0.19, 0.29 and 0.34% of total phenotypic variance for BW, WW and ADG, respectively. These results suggest the low contribution of cytoplasmic effect in determining the studied traits. Modification in the structure of the analysis model can provide a correct evaluation of the importance of these effects.

Keywords: average daily gain, birth weight, cytoplasmic effect, weaning weight

Introdução

Os efeitos maternos podem ser considerados como qualquer influência da mãe sobre o desempenho de sua progênie, excluindo-se os efeitos aditivos diretamente transmitidos. Pesquisas demonstram que o citoplasma e organelas extra-nucleares, incluindo mitocôndrias que contêm mtDNA (DNA mitocondrial) são herdadas da fêmea, em mamíferos. Dessa forma, a herança citoplasmática pode ser um dos fatores que causam diferença entre animais (Ventura et al., 2007).

Os efeitos genético-citoplasmáticos são importantes para os programas de melhoramento em bovinos de corte, pois a identificação das linhagens citoplasmáticas superiores, permitiria a seleção de vacas superiores na população, elevariam o valor das vacas para a transferência de embriões e raças com citoplasma superior seriam mais vantajosas como raças maternas em sistemas de cruzamentos.



A herança materna do mtDNA tem sido proposta como um adicional tipo de variação genética que deve ser introduzida nos modelos de análise genéticas. A herança citoplasmática pode ser obtida traçando-se o pedigree dos animais pela linha materna até as fêmeas fundadoras do rebanho (Pelicioni & Queiroz, 2001). Assim, objetivou-se com o trabalho avaliar o efeito da linhagem citoplasmática sobre o peso ao nascer, o peso a desmama e o ganho médio diário pré-desmama de animais da raça Nelore.

Material e Métodos

Os dados utilizados foram provenientes dos arquivos da Agro-Pecuária CFM Ltda. O pedigree completo incluiu 158.004 animais nascidos entre 1984 e 2009. O conjunto de dados analisados continha 121.680 registros de peso ao nascer (PN), 124.693 de peso a desmama (PD) e 109.136 para ganho médio diário pré-desmame (GMD), computado como $GMD = (PD - PN) / \text{Idade ao desmame}$.

A consistência e gerenciamento dos arquivos de dados foram feitas no programa *Microsoft Visual Fox Pro* (versão 9.0). Os grupos de contemporâneos foram definidos como animais de mesmo sexo, nascidos na mesma safra e fazenda, criados no mesmo grupo de manejo. Somente informações de animais pertencentes à grupos com pelo menos cinco observações, filhos de pelo menos dois pais foram analisadas.

Utilizando o programa LinMat (Mourão et al., 2006), linhagens citoplasmáticas foram definidas, em termos de antepassados maternos, como a ascendência contínua através de fêmeas a partir de um ancestral de um descendente, até as fêmeas fundadoras. Somente linhas citoplasmáticas com pelo menos cinco animais e com duas ou mais vacas que possuíam descendentes com registro de produção foram consideradas na base de dados.

Dois modelos foram empregados que diferiram quanto aos efeitos aleatórios considerados: Modelo 1: unicaracterístico incluindo os efeitos aditivo direto, aditivo materno, covariância de aditivo direto e materno, ambiente permanente, e residual, e o Modelo 2, que, em adição aos efeitos do Modelo 1, incluiu o efeito de linhagem citoplasmática. Os efeitos fixos considerados nos modelos foram os grupos de contemporâneos e a idade da vaca ao parto. Para as variáveis PD e GMD também foi considerado o efeito de idade à desmama como covariável.

As estimativas dos componentes de (co)variâncias foram obtidos por máxima verossimilhança restrita livre de derivada, utilizando o programa MTDFREML (Boldman et al., 1995). O critério de convergência adotado foi de 10^{-9} . Para verificar o efeito da inclusão da linhagem citoplasmática no modelo realizou-se o teste de razão de verossimilhança. A estimativa foi comparada com o valor obtido pela distribuição Qui-quadrado, com 1 grau de liberdade e nível de significância de 5%.

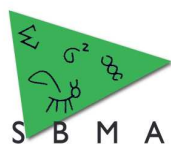
Resultados e Discussão

As estimativas de componentes de (co)variância foram, em geral, semelhantes para os dois modelos nas três características estudadas, indicando que a inclusão da linhagem citoplasmática no modelo pouco influenciou a magnitude dos componentes.

Os componentes de variância da linhagem citoplasmática foram iguais a 0,02; 0,94; e 0,00 para PN, PD e GMD, respectivamente, representando, nesta ordem, 0,19; 0,29 e 0,34 % da variância fenotípica total. Por outro lado, o componente aditivo direto representou 30,78; 22,14 e 23,51% da variância fenotípica total, respectivamente. Em relação ao componente aditivo direto, o componente da linhagem citoplasmática representa apenas 0,63; 1,31 e 1,44% indicando a pouca contribuição deste efeito na determinação das características estudadas.

Em bovinos de corte, o efeito de linhagem citoplasmática não tem sido identificado como um significativo tipo de variação sobre características de desempenho (Pelicioni & Queiroz, 2001; Ventura et al., 2007).

O efeito de linhagem citoplasmática de pequena magnitude pode ser parcialmente devido a ser uma herança materna. Fêmeas produzem menor progênie e a intensidade de seleção para fêmeas é muito menor do que para machos. Pode haver ainda um confundimento na estimação dos efeitos de ambiente permanente e de linhagem citoplasmática. Pun et al. (2012) sugerem que os efeitos de linhagem citoplasmática não devem ser desprezados. Uma melhor estruturação do banco de dados e do modelo de análise é necessária para separar os efeitos citoplasmáticos do efeito permanente de ambiente materno.



IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

Tabela 1- Estimativas dos componentes de (co)variância obtidos pelos modelos sem (1) e com (2) a inclusão do efeito de linhagem citoplasmática

Modelos	Componentes ¹						
	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_{am}$	$\hat{\sigma}_m^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_l^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_t^2$
Peso ao nascer (PN)							
1	2,84012	-0,12223	0,53535	0,319556		5,66629	9,23909
2	2,84266	-0,13666	0,51525	0,330256	0,0179098	5,66432	9,23373
LRT=1,0483 ^{NS}							
Peso ao desmame (PD)							
1	71,92659	4,69357	27,58112	48,4535		172,34252	324,99733
2	71,89400	4,13692	26,39956	48,9710	0,939747	172,34977	324,69103
LRT=1,8444 ^{NS}							
Ganho médio diário pré-desmame (GMD)							
1	0,00173	-0,00000	0,00064	0,001196		0,00380	0,00737
2	0,00173	-0,00002	0,00061	0,001209	0,000025	0,00380	0,00736
LRT=2,1455 ^{NS}							

¹ $\hat{\sigma}_a^2, \hat{\sigma}_{am}, \hat{\sigma}_m^2, \hat{\sigma}_p^2, \hat{\sigma}_l^2, \hat{\sigma}_e^2$ e $\hat{\sigma}_t^2$ = componentes de variância aditivo direto, covariância entre os efeitos aditivos direto e materno, aditivo materno, de ambiente permanente, de linhagem citoplasmática, residual e fenotípica total, respectivamente.

^{NS} = não significativo (P>0,05).

A inclusão dos efeitos de linhagem citoplasmáticas foi não significativa para as três características avaliadas, conforme indicado pelo teste da razão de verossimilhança (LRT)(P>0,05).

Conclusões

A linhagem citoplasmática tem um efeito pequeno sobre características de desempenho pré-desmame de animais Nelore. Análises multicaracterísticas e modificações na estruturação dos modelos de análises genéticas devem ser realizadas para estimação dos efeitos de linhagem citoplasmática.

Agradecimentos

À Agro-Pecuária CFM Ltda pela concessão da utilização dos dados.

Literatura citada

- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. et al. **A manual for use of MTDFREML**: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances (DRAFT). Lincoln: Department of Agriculture/Agriculture Research Service, 1995, 120p.
- MOURÃO, G.B.; FIGUEIREDO, L.G.G.; MATTOS, E.C. et al. Linmat – A maternal and cytoplasmic lineages software. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2006. Belo Horizonte, **Anais...** Belo Horizonte: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal SBMA, [2006]. (CD-ROM)
- PELICIONI, L.C.; QUEIROZ, S.A. Efeito da linhagem citoplasmática sobre o peso ao nascer e o ganho médio diário na pré-desmama em bovinos da raça Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.1, p.101-108, 2001.
- PUN, A.; GOYACHE, F.; CERVANTES, I. et al. Cytoplasmic line effects for birth weight and preweaning growth traits in the Asturiana de los Valles beef cattle breed. **Livestock Science**, v. 143, p. 177-183, 2012.
- VENTURA, R.V.; SILVA, M.A.; DIONELLO, D.F.D. et al. Desenvolvimento do software DRLinhagem para detecção de linhagens citoplasmáticas e avaliação de seu efeito sobre os pesos à desmama e ao ano de idade de animais Nelore no Centro-Oeste brasileiro. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 59, n. 5, p. 1250-1256, 2007.