



## MODELOS ALTERNATIVOS PARA A ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS DO PESO AOS 205 DIAS DE IDADE EM BOVINOS DA RAÇA TABAPUÃ NA REGIÃO NORDESTE <sup>1</sup>

CARLOS HENRIQUE MENDES MALHADO<sup>2</sup>, EDUARDO JULIANO JACINTO<sup>3</sup>, RAIMUNDO MARTINS FILHO<sup>4</sup>, DANIELLE MARIA MACHADO RIBEIRO AZEVEDO<sup>5</sup>, PAULO LUIZ SOUZA CARNEIRO<sup>6</sup>, JULIO CÉSAR DE SOUZA<sup>7</sup>, OLIVARDO FACO<sup>8</sup>

<sup>1</sup> Projeto Financiado pelo CNPq, Parte da Monografia do 2º autor

<sup>2</sup> Prof. DCB/UESB, Jequié-BA, Doutorando em Ciências Biológicas (Genética), Unesp/Botucatu, e-mail: [malhado@uesb.br](mailto:malhado@uesb.br)

<sup>3</sup> Médico Veterinário, e-mail: [ejjacinto@hotmail.com](mailto:ejjacinto@hotmail.com)

<sup>4</sup> Prof. Colaborador UFC, Diretor Acadêmico Gama Filho, Bolsista CNPq, e-mail: [martins@fgf.edu.br](mailto:martins@fgf.edu.br)

<sup>5</sup> Bolsista DCR – CNPq/UFPI, e-mail: [danizootec3@hotmail.com](mailto:danizootec3@hotmail.com)

<sup>6</sup> Prof. DCB/UESB, e-mail: [pcarneiro@uesb.br](mailto:pcarneiro@uesb.br)

<sup>7</sup> Prof. DZ/UFPR – e-mail: [jcs@ufpr.br](mailto:jcs@ufpr.br)

<sup>8</sup> Prof. DZ/UFC, Doutorando em Zootecnia, UFC, e-mail: [ofaco@uol.com.br](mailto:ofaco@uol.com.br)

**RESUMO** - O objetivo deste estudo foi estimar os componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos para o peso aos 205 dias (P205), utilizando cinco modelos animais em bovinos da raça Tabapuã, criados na região Nordeste do Brasil. As estimativas dos componentes de (co)variância foram obtidos pelo método da máxima verossimilhança restrita livre de derivadas (DFREML), utilizando o software MTDFREML. A exclusão de um ou mais efeito (materno e/ou ambiente permanente) do modelo, alterou significativamente os parâmetros genéticos estimados.

**PALAVRAS-CHAVE:** efeito genético direto, efeito genético materno, correlação genética, zebu

ALTERNATIVE ANIMAL MODELS TO ESTIMATE GENETIC PARAMETERS OF THE WEIGHT AT 205 DAYS OF AGE FROM BOVINES OF THE TABAPUÃ CATTLE IN NORTHEAST REGION

**ABSTRACT** - The objective this study was to estimate the (co)variance components and genetic parameters for the weight at 205 days of age (W205), utilizing five animals models in bovines of the Tabapuã cattle in Northeast region of the Brazil. The estimative of (co)variance components were realized by maximum likelihood method (REML), utilizing the software MTDFREML. The exclusion of one or more effect (maternal and/or permanent environmental) of the model changed significantly the genetic parameters estimated.

**KEYWORDS:** direct genetic effect, genetic correlation, maternal genetic effect, zebu

### INTRODUÇÃO

Atualmente o Brasil possui o maior rebanho bovino comercial do planeta e vem buscando se firmar como um dos maiores exportadores de carne bovina, principalmente devido à quase totalidade dos nossos animais serem criados a pasto, o chamado “boi verde”, que após o surgimento da “vaca louca”, tornou-se um produto precioso no mercado externo, dada à imagem associada entre carne produzida a pasto e carne saudável. Todavia, os nossos índices zootécnicos estão aquém daqueles que poderiam garantir a pecuária como uma atividade competitiva, eficiente, rentável e sustentável. Neste cenário, apenas esforços contínuos de melhoramento ambiental e genético de uma forma integrada serão capazes de contribuir com o desafio de produzir um produto de excelente qualidade com o menos custo possível.

O conhecimento dos parâmetros genéticos das características de importância econômica é essencial para o delineamento de programas de seleção, pois, permitir antever a possibilidade de sucesso com a seleção, como também, os melhores meios para alcançarmos os objetivos da seleção. Quando se analisam dados de bovinos de corte, não somente se faz necessária à diferenciação de fatores genéticos e ambientais, mas também a parte genética tem que ser separada em efeitos diretos e maternos. Desta forma, o objetivo deste estudo foi estimar os componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos para o peso aos 205 dias (P205) por meio de análises univariadas, utilizando cinco modelos animais em bovinos da raça Tabapuã, criados na região Nordeste do Brasil.

### MATERIAL E MÉTODOS

Os 12.181 dados utilizados neste estudo foram provenientes do controle de desenvolvimento ponderal da raça Tabapuã, da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ), de animais criados a pasto, nascidos no período de 1965 a 2001, nos estados do Nordeste do Brasil.

As estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foram estimados utilizando cinco diferentes modelos univariados contendo o efeito aleatório genético direto do animal, incluindo ou não o efeito genético materno ou de ambiente permanente, além do efeitos fixo de grupo de contemporâneos (fazenda, sexo, estação e ano de nascimento do animal) e a covariável idade da vaca ao parto (linear e quadrática). Os modelos utilizados são: modelo 1 (MA1): efeito genético aditivo direto e materno e, o efeito de ambiente permanente (modelo animal completo), considerando a correlação genética entre os efeitos direto e materno; modelo 2 (MA2): similar ao modelo 1, contudo, considerou-se a correlação genética entre os efeitos direto e materno igual a zero; modelo 3 (MA3): efeito genético aditivo direto e o efeito de ambiente permanente; modelo 4 (MA4): efeito genético aditivo direto e materno, considerando a correlação genética entre os efeitos direto e materno igual a zero; modelo 5 (MA5): efeito genético aditivo.

As estimativas dos componentes de (co)variância foram obtidos pelo método da máxima verossimilhança restrita livre de derivadas (DFREML), do programa MTDFREML (Boldman et al. 1993). O MTDFREML utiliza um algoritmo simplex para localizar o mínimo de  $-2 \log L$  (em que  $L$  = função de verossimilhança) em modelos com múltiplos parâmetros. Os componentes de (co)variância que minimizam a função  $-2 \log L$  são estimativas de máxima verossimilhança. A determinação da superioridade de um modelo sobre o outro será verificada por meio da diferença entre os logaritmos das funções de verossimilhança ( $\log L$ ), que testa a significância da inclusão alternada dos efeitos aleatórios e, conseqüentemente, identifica o modelo capaz de melhor ajustar os dados, com o menor número possível de parâmetros. Para isso, foram obtidos desvios dos referidos logaritmos, oriundos de modelos que diferiram em apenas um efeito. Estes desvios serão então multiplicados por dois, constituindo o  $\lambda$ , que por sua vez irá ser comparado ao valor na tabela de qui-quadrado ( $\chi^2$ ) com um grau de liberdade em nível de 95% de probabilidade, conforme descrito a seguir (Dobson, 1990):

$$\lambda = 2 (\log \text{likelihood do modelo [b]} - \log \text{likelihood do modelo [a]})$$

Se  $\lambda \geq \chi^2_{1,0,95}$  aceita-se o modelo [b];

Se  $\lambda < \chi^2_{1,0,95}$  aceita-se o modelo [a]

Em que a é o modelo com  $n$  parâmetros e b é o modelo com  $n + 1$  parâmetros.

### RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas de (co)variâncias e as herdabilidades nos diversos modelos utilizados estão apresentados nas Tabelas 1 e 2. As variâncias estimadas entre os modelos MA1 e MA2 foram, respectivamente, 77,59 e 74,33, ocasionado valores semelhantes de herdabilidade direta (0,17). Os coeficientes de herdabilidade materna foram 0,10 e 0,09 para MA1 e MA2, respectivamente.

No modelo que não incluiu o efeito materno (MA3), ficou evidenciado a inflação da variância aditiva e do efeito de ambiente permanente, fato que influenciou o valor da herdabilidade direta (0,20) e principalmente o valor do efeito de ambiente permanente (0,14). Quando se incluiu no modelo apenas o efeito aditivo direto (MA5), este ficou superestimado, ocasionado uma herdabilidade aproximadamente 2,3 vezes maior que do modelo completo (0,39 versus 0,17). Os modelos que tiveram as menores variâncias residuais (MA3 e MA5), também obtiveram os menores logaritmos da função de verossimilhança.

No modelo que não incluiu o efeito materno (MA3), ficou evidenciado a inflação da variância aditiva e do efeito de ambiente permanente, fato que influenciou o valor da herdabilidade direta (0,20) e principalmente o valor do efeito de ambiente permanente (0,14).

Comparando os modelos 3 e 4 com o modelo 2, conforme a metodologia descrita, verificou-se diferenças significativas entre estes com 5% de significância. Se admitirmos 1% de significância, o modelo 4 (MA4) não diferencia estaticamente do modelo 2 (MA2).

A utilização do modelo 2 (MA2) é uma boa estratégia, pelo fato de além de possuir os efeitos direto aditivo, direto materno e o de ambiente permanente, considera a covariância direta aditiva e a direta materna igual a zero. Explicar biologicamente o antagonismo entre os efeitos diretos e maternos não é fácil, por outro lado, a estrutura dos dados muitas vezes não favorece a estimativa correta da covariância entre estes efeitos (Malhado et al. 2003), por isso, diversos pesquisadores utilizam a recomendação de Lôbo et al. (2000), de utilizar covariância igual a zero entre os efeitos genéticos direto e materno.

O modelo animal 5 (MA5) considera apenas o efeito aditivo direto, e como era de se esperar, superestimou o mesmo, e se utilizado na prática, ocasionará valores genéticos inflacionados. Este é o modelo que traz as maiores diferenças, e portando, deve ser utilizado com cautela.

### CONCLUSÕES

Quando comparamos dois modelos completos e em um deles consideramos a correlação aditiva direta e aditiva materna igual a zero, não observamos diferenças significantes.

Não considerando um ou mais efeitos (materno e/ou de ambiente permanente) no modelo, teremos diferenças significativas que poderão prejudicar a estimativa dos valores genéticos.

### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. 1993. **A Manual for Use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variance and (co) variance [Draft]**. Lincoln, U.S. Department of Agriculture, Agriculture Research Service, 115p.
- DOBSON, A.J. **An introduction to generalized linear models**. Chapman and Hall, Melbourne. 1990. 174p.
- LÔBO, R.N.B.; MARTINS FILHO, R.; PENNA, V.M. . Genetic parameters for growth traits of zebu cattle in the semi-arid region of Brazil. **Ciência Animal**, v.10, n.1, p.7-12, 2000.
- MALHADO, C.H.M., MARTINS FILHO, LÔBO, R.N.B. et al. Efeito da inclusão da covariância entre os efeitos direto e materno sobre os parâmetros genéticos de ganho de peso pré-desmama e pós-desmama. In: REUNIÃO ANUAL BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41., 2003, SANTA MARIA. **Anais...Santa Maria:SBZ, 2003. CD-ROM.**

TABELA 1. Estimativas dos componentes de covariâncias (kg<sup>2</sup>) para peso aos 205 dias de idade

	MA1	MA2	MA3	MA4	MA5
$\sigma^2_p$	449,89	449,47	452,43	449,55	470,71
$\sigma^2_a$	77,59	74,33	92,20	71,69	181,72
$\sigma^2_m$	44,77	39,09	X	63,85	X
$\sigma^2_{pm}$	28,00	28,36	61,08	X	X
$\sigma^2_e$	305,83	307,69	299,15	314,01	288,99
$\sigma_{am}$	-6,22	X	X	X	X
Log	-26.739,5	-26.739,6	-26.746,3	-26.742,2	-26.775,9

$\sigma^2_p$ ;  $\sigma^2_a$ ;  $\sigma^2_m$ ;  $\sigma^2_{pm}$ ;  $\sigma^2_e$ ;  $\sigma_{am}$ ; log = componentes de variância fenotípica, genética aditiva direta, genética aditiva materna, devida ao ambiente permanente, residual, covariância genética entre os efeitos aditivos direto e materno, log da função de verossimilhança, respectivamente.

TABELA 2. Estimativas dos parâmetros genéticos para peso aos 205 dias de idade

	MA1	MA2	MA3	MA4	MA5
$\hat{h}^2_a$	0,17 ± 0,04	0,17 ± 0,03	0,20 ± 0,04	0,16 ± 0,03	0,39 ± 0,03
$\hat{h}^2_m$	0,10 ± 0,04	0,09 ± 0,03	X	0,14 ± 0,02	X
$r_{am}$	-0,11 ± 0,229	0	X	0	X
$\hat{c}^2$	0,062 ± 0,003	0,063 ± 0,003	0,140 ± 0,019	X	X
$e^2$	0,68 ± 0,03	0,68 ± 0,03	0,66 ± 0,03	0,70 ± 0,03	0,61 ± 0,03

$\hat{h}^2_a$ ;  $\hat{h}^2_m$ ;  $r_{am}$ ;  $\hat{c}^2$ ; e  $e^2$  = herdabilidade direta, herdabilidade materna, correlação genética entre os efeitos diretos e maternos, proporção da variação fenotípica devido ao ambiente permanente e porção da variância fenotípica devido ao resíduo, respectivamente.