

## *VII Simposio Brasileiro de Melhoramento Animal* *São Carlos, SP, 10 e 11 de julho de 2008*

### **Incremento de uniformidade de produção em bovinos de corte por meio de seleção**

Haroldo Henrique de Rezende Neves<sup>1</sup>, Roberto Carneiro<sup>2</sup>, Carlos Dario Ortiz Peña<sup>3</sup>,  
Sandra Aidar de Queiroz<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Mestrando em Genética e Melhoramento Animal – FCAV/ Unesp Jaboticabal; bolsista CAPES.  
email:haroldozoo@hotmail.com

<sup>2</sup>Gensys Consultores Associados S/S Ltda.; bolsista FAPESP. e-mail: rcar@fcav.unesp.br

<sup>3</sup>Gensys Consultores Associados S/S Ltda.; Dep. Prod. Animal, FCA/UNA, San Lorenzo, Paraguay. e-mail: carlosortiz@gensys.com.py

<sup>4</sup>Departamento de Zootecnia – FCAV/ Unesp Jaboticabal. Bolsista do CNPq. e-mail: saquei@fcav.unesp.br

**Resumo** – Avaliou-se a existência de diferenças genéticas entre touros para variabilidade da progênie, usando-se três estimadores de dispersão do ganho de peso do nascimento à desmama da progênie de touros Nelore. Também se investigou o efeito da importância relativa da uniformidade, numa situação hipotética de seleção de touros com base num índice combinando mérito para desempenho médio e uniformidade de progênie. Verificou-se que o uso de estimadores de dispersão da progênie de touros pode permitir resposta sobre a variabilidade fenotípica. Para a característica estudada, é esperado progresso genético em termos de uniformidade ao custo de menor progresso na média fenotípica.

**Palavras-chave:** herdabilidade, medidas de dispersão, variabilidade fenotípica

### **Improving uniformity of beef cattle production by selection**

**Abstract:** Evidence of genetic differences between sires for progeny variability was investigated, considering estimators based on three dispersion measures of weight gain from birth to weaning, obtained from progeny of Nelore sires. Relative importance of uniformity, in a hypothetical situation of selecting sires based on an index combining genetic merit for average performance and for progeny uniformity was also studied. Dispersion estimators could allow response on phenotypic variability. For the studied trait, genetic progress on uniformity is expected at the cost of lower phenotypic gain.

**Keywords:** dispersion measures, heritability, phenotypic variability

### **Introdução**

As crescentes exigências quanto a qualidade de produto final e o estabelecimento de programas de bonificação por qualidade reforçam a necessidade de critérios de seleção que contemplem o aumento da proporção de bovinos de corte com desempenho dentro de um intervalo ótimo (maior uniformidade) e não apenas o incremento no desempenho médio de rebanhos, visando atender de modo consistente aos padrões estabelecidos por diferentes

mercados. Conduziu-se este estudo a fim de comparar diferentes estimadores para discriminar a variabilidade da progênie de touros, além de avaliar o efeito da importância relativa da uniformidade, numa situação de seleção de touros com base num índice combinando mérito para desempenho médio e uniformidade de progênie.

### Material e Métodos

Utilizaram-se dados de ganho de peso do nascimento à desmama (GND) de 58.778 animais da raça Nelore, provenientes da Associação Paraguaia de Criadores de Nelore (APCN) e de 107.857 animais Nelore, provenientes do banco de dados do programa PAINT. Os dados de GND foram padronizados para 205 dias de idade e pré-ajustados para os efeitos de idade da vaca ao parto, idade do bezerro e data juliana média dentro da estação de nascimento, sendo as observações resultantes referidas como GND pré-ajustado (GNDa). Procedeu-se a predição do valor genético (EBV) de cada animal para GNDa, aplicando-se o *software* MTDREML (Boldman et al., 1995), usando um modelo animal considerando o efeito fixo de grupo de contemporâneos (GC) e os efeitos aleatórios: aditivo direto (AD), aditivo materno (AM), de ambiente permanente (AP) e residual (E). Para cada animal, utilizaram-se as soluções de GC, AD, AM e AP para se calcular as variáveis: A) GNDse: valor fenotípico de GNDa ajustado para situação similar àquela em que os touros fossem acasalados com vacas de mesmo mérito genético médio e tivessem progênie num mesmo GC e B) GNDe: GNDse ajustado para efeito aditivo de touro.

Para cada touro, foram calculadas três diferentes medidas de dispersão para as observações de GNDse e GNDe de sua progênie: i) desvio-padrão (SD); ii) média dos desvios absolutos das observações em relação à média (MAD) e iii) mediana dos desvios absolutos em relação à mediana (rMAD). Estimaram-se componentes de variância (VC) para cada medida de dispersão da progênie, sob modelo touro, tanto para observações de GNDse (modelo touro 1) quanto para GNDe (modelo touro 2), por meio do *software* MTDREML, considerando os efeitos aleatórios: aditivo direto de touro ( $a_s$ ) e residual (e). Para as análises de medidas de dispersão, foram considerados apenas touros com, no mínimo, 10 produtos. Calculou-se a herdabilidade ( $h^2$ ) de cada medida de dispersão, assumindo que a variância estimada para  $a_s$  foi igual a  $\frac{1}{4}$  da variância genética aditiva. As estimativas de  $h^2$  serviram de base para comparação entre as diferentes medidas de dispersão e os dois modelos touro considerados.

Utilizando-se as observações de GNDa do conjunto de dados da APCN e o *software* MTDREML, geraram-se soluções para um modelo animal idêntico ao descrito anteriormente, assumindo que a herdabilidade direta de GNDa era igual a 0,20. As soluções obtidas para valor aditivo direto foram usadas para calcular as DEPs dos animais para tendência central de GND (metade do EBV predito), posteriormente referidas como  $DEP_A$ .

Estimativas da variabilidade da progênie de touros foram obtidas por meio do cálculo de DEPs para cada uma das medidas de dispersão descritas no item anterior, usando-se soluções geradas para um modelo idêntico ao modelo touro 1, assumindo-se herdabilidade de 0,20 para todas as medidas de variabilidade da progênie de touros. As DEPs foram calculadas com base nas soluções para efeito aditivo sobre SD, MAD e de rMAD multiplicadas por -1 (para expressão de DEPs no sentido desejado, i.e. uniformidade) e são referidas, respectivamente, como  $DEP_{SD}$ ,  $DEP_{MAD}$  e  $DEP_{rMAD}$ .

Foram calculados três índices ( $I_i$ ) combinando a  $DEP_A$  a cada uma das DEPs para uniformidade, variando-se a importância relativa da uniformidade da progênie de 0 a 1, de modo que:  $I_i = sDEP_A * (1-u) + sDEP_{un_i} * u$ , em que:

$sDEP_A$  é a DEP estandarizada para tendência central de GNDa,  $sDEP_{un_i}$  é a DEP estandarizada para uniformidade calculada com a  $i$ -ésima medida de variabilidade da progênie e  $u$  é a importância relativa da uniformidade.

Para cada índice, os touros foram classificados em ordem decrescente e agrupados em decas (decas), obtendo-se a média das DEPs para tendência central e uniformidade em cada deca, de modo a possibilitar a comparação entre o efeito da importância relativa da uniformidade sobre cada uma destas medidas. Para comparar as DEPs baseadas nas medidas rMAD e MAD às DEPs baseadas no desvio-padrão (SD), as primeiras foram convertidas em estimativas de SD.

### Resultados e Discussão

As estimativas de herdabilidade obtidas para cada uma das medidas de dispersão apresentaram valores baixos a moderados (Tabela 1). No caso do modelo touro 1, todas as estimativas de herdabilidade foram inferiores a 10%. O ajuste das observações de GND para efeitos de GC e efeitos aditivos de vaca e de touro (modelo touro 2) teve maior impacto sobre os valores da variância de touro do que sobre estimativas da variância residual e permitiu que se obtivesse, em geral, maiores estimativas de  $h^2$  do que sob o modelo touro 1.

Comparando-se as medidas de dispersão entre si, as variâncias fenotípicas de MAD e de rMAD foram menores do que a de SD, o que pode ser explicado pela maior robustez das primeiras em relação à última, ao passo que as estimativas de  $h^2$  para MAD e rMAD foram superiores às de SD na maioria das situações estudadas.

Apesar da magnitude da herdabilidade de medidas de dispersão da progênie de touros não ter sido alta, os resultados obtidos reforçam a possibilidade de existência de diferenças genéticas entre touros para variabilidade da progênie em algumas populações de bovinos, sendo que as mesmas poderiam ser exploradas em situações em que valor econômico da uniformidade da progênie fosse importante.

Tabela 1. Estimativas de componentes de variância (VC) e herdabilidade ( $h^2$ )<sup>\*</sup> para diferentes medidas de dispersão da progênie de touros.

Modelo touro	Conjunto de dados \ Característica						Modelo touro	Conjunto de dados \ Característica					
	PAINT(N=708)			APCN(N=944)				PAINT(N=708)			APCN(N=944)		
1	MAD	rMAD	SD	MAD	rMAD	SD	2	MAD	rMAD	SD	MAD	rMAD	SD
$s^2_s$	0,12	0,13	0,15	0,24	0,47	0,63	$s^2_s$	0,56	0,58	0,68	0,56	0,24	0,56
$s^2_e$	11,72	12,20	20,31	23,00	22,96	38,22	$s^2_e$	11,38	10,64	20,71	22,74	23,26	38,34
$h^2$	0,04	0,04	0,03	0,04	0,08	0,06	$h^2$	0,19	0,21	0,13	0,10	0,04	0,06

Estimativas obtidas para dois bancos de dados (PAINT e APCN), sob dois modelos.  $s^2_s$ : a variância aditiva de touro,  $s^2_e$ : a variância residual. N: número de touros.  $h^2 = 4*s^2_s / (s^2_s + s^2_e)$ .

Numa situação hipotética em que tanto a herdabilidade para a tendência central de GND quanto para cada uma das medidas de dispersão da progênie fossem iguais, percebem-se tendências opostas entre DEPs para tendência central e uniformidade, ao aumentar-se a importância relativa da uniformidade sobre  $I_i$  (Figura 1). Nessa situação, independentemente da medida de dispersão utilizada, espera-se que a obtenção de alguma resposta em termos de redução da variabilidade da progênie, com uso de índices similares aos usados neste estudo, estaria condicionada a menor progresso da média fenotípica.

Segundo Mulder et al. (2008), tal estratégia de seleção seria interessante quando a média da característica se encontrasse próximo de um valor ótimo.

Percebe-se comportamento bastante similar entre médias de DEPs para tendência central de GND dos touros deca 1, para os índices baseados em SD (A\_SD) e MAD (A\_MAD). As médias das DEPs dos touros deca 1 para índices baseados numa medida mais robusta de dispersão (A\_rMAD) foram 11% maiores que aquelas baseadas nas demais medidas, de modo que um índice considerando DEPs baseadas em rMAd permitiria a seleção de touros com DEPs relativamente maiores para média de GND, à medida que a importância relativa da uniformidade aumentasse.

Mais estudos são necessários para se averiguar outras abordagens para discriminar diferenças genéticas para variabilidade da progênie de touros e/ou investigar diferentes estratégias de seleção para incremento de uniformidade em bovinos (e.g., heterogeneidade genética da variância residual; Mulder et al., 2008).

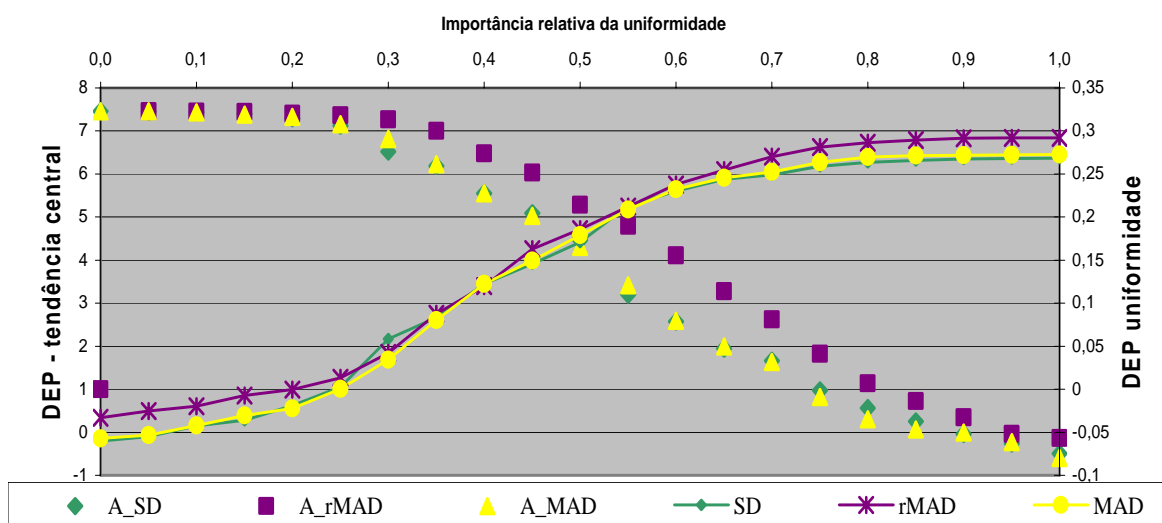


Figura 1. DEPs médias para tendência central (A\_SD, A\_MAD e A\_rMAD) e uniformidade (SD, MAD e rMAD) do ganho de peso do nascimento à desmama de touros deca 1 para cada índice  $I_i$ , mediante variação da importância relativa da uniformidade.

### Conclusões

O uso de estimadores com base em medidas de dispersão da progênie de touros pode permitir resposta sobre a variabilidade fenotípica. Para a característica estudada, poder-se-ia alcançar maior progresso genético em termos de uniformidade ao custo de menor progresso na média fenotípica.

### 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 variance and covariance.** Lincoln : Department of Agriculture/ Agricultural Research Service, 1995. 120p.
- MULDER, H.A.; BIJMA, P.; HILL, W.G. Selection for uniformity in livestock by exploiting genetic heterogeneity of residual variance. **Gen. Sel. Evol.**, v.40, n.1, p.37-59, 2008.