



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

Avaliação do modelo considerando pais desconhecidos e grupos genéticos para o peso ao sobreano para animais da raça Nelore¹

Luciana Shiotsuki², Fernando Flores Cardoso³, Lúcia Galvão de Albuquerque⁴

¹Parte da tese de doutorado da primeira autora, financiada pela FAPESP

²Doutoranda do Programa de Pós-graduação em Zootecnia – UNESP/Jaboticabal. Bolsista da FAPESP. e-mail: luushi@bol.com.br

³Pesquisador A, EMBRAPA- CPPSUL; e-mail: fcardoso@cppsul.embrapa.br

⁴Departamento de Zootecnia - FCAV - UNESP/Jaboticabal. Bolsista do CNPq. e-mail: lgalb@fcav.unep.br

Resumo – O objetivo deste trabalho foi comparar duas abordagens distintas para avaliação genética de animais oriundos de acasalamentos com reprodutores múltiplos (RM): 1) o modelo de paternidade desconhecida, no qual os grupos de RM foram ignorados, ou seja, os RM são tratados como desconhecido e pertencente a uma única população base e 2) o modelo de grupos genéticos, no qual foram atribuídos pais ‘imaginários’ aos filhos de RM, considerando cada grupo de RM um grupo genético diferente. Este efeito representa uma estimativa do valor genético médio dos touros pertencentes ao grupo. Além disto estimaram-se parâmetros e valores genéticos para o peso ao sobreano (PS) usando 56.133 animais da raça Nelore. Foram considerados no modelo, como aleatórios; os efeitos genético direto de animal, genético materno e de ambiente permanente materno, além do grupo de contemporâneos (sexo, fazenda de manejo e grupo de manejo à desmama e ao sobreano, ano e estação de nascimento, mês e ano da desmama e ao sobreano). Como efeitos fixos incluíram-se, a idade do animal ao sobreano e idade da vaca ao parto (2-16 anos), efeitos linear e quadrático. Para verificar o modelo de melhor ajuste foram utilizados o critério de informação da deviance e o pseudo-fatores de Bayes. Concluiu-se que o peso ao sobreano poderá responder eficientemente à seleção, e o modelo que incluiu grupo genético foi mais adequado.

Palavras-chave: Bovino de corte, paternidade desconhecida, reprodutor múltiplo

Genetic groups and unknown paternity models for genetic evaluation of yearling weight of Nelore animals originated from multiple sires mating

Abstract – The objective of this study was to compare two different models for genetic evaluation of animals derived of multiple sires (MS) mating: 1) the uncertain paternity model, that considers MS groups as unknown parents belonging to the same base population and 2) the genetic group model, attributing phantom parent to animals offspring of MS, considering each MS group as a different genetic group. This effect represents an estimative of the genetic value mean of the sires belonging to that MS group. Moreover,

yearling weight (YW) genetic parameters and breeding values were estimated using 56,133 Nelore animals. In the YW model, direct genetic effects of animals maternal genetic and permanent environmental effects and contemporary group effects (sex, weaning and post-weaning farm and management group, year and season of birth, month and year of weaning and weaning), were considered as random. As fixed effects, age of animal and age of dam at calving (2-16 years) linear and quadratic effects were included. Models were compared by the deviance information criterion (DIC) and Pseudo Bayes Factors (PBF). In conclusion, yearling weight can respond efficiently to selection, and when sire's candidate is unknown, genetic group model was the most appropriate.

Keywords: beef cattle, uncertain paternity, multiple-breed

Introdução

O sistema de reprodutores múltiplos (RM) é comumente usado em diversos países, pois comparado aos outros sistemas não carece de mão-de-obra qualificada, além de ser mais econômico. Embora apresente diversas vantagens ao produtor em termos de manejo, o sistema de reprodutores múltiplos, em que um grupo de vacas é exposto à um grupo de touros em uma mesma estação de monta, traz desvantagens em termos do melhoramento genético do rebanho, uma vez que a paternidade desconhecida diminui a acurácia das avaliações genéticas e, conseqüentemente, a resposta à seleção.

Entre as metodologias desenvolvidas para avaliações genéticas de animais com paternidade desconhecida, a utilização de grupos genéticos formados pelos filhos de cada grupo de RM representa uma alternativa simples que não requer o conhecimento das identidades dos touros dentro de cada grupo de RM. Portanto, os objetivos do presente trabalho foram: (1) Comparar um modelo que inclui grupos genéticos definidos como o grupo de RM ao modelo que trata RM como pais desconhecidos de uma única população base; (2) Estimar parâmetros e valores genéticos para o peso ao sobreano, usando os modelos de grupos genéticos e de pais desconhecidos.

Material e Métodos

Os registros utilizados foram de animais da raça Nelore, nascidos no período de 1984 a 2006, pertencentes ao arquivo zootécnico da Agropecuária Jacarezinho Ltda, São Paulo. A característica considerada neste estudo foi o peso ao sobreano (PS) dos 420 aos 640 dias de idade. Foi realizado um teste de conectabilidade de GC baseado no número total de laços genéticos (mínimo 10) usando o programa AMC (Roso e Schenkel, 2006). Após a consistência dos dados foram mantidos registros de 56.133 animais da raça Nelore, filhos de 445 touros e 25.263 vacas, sendo 20.827 (37,10%) animais filhos de RM, distribuídos em 136 grupos de RM distintos. O arquivo de pedigree continha 68.515 animais, sendo que 2.382 animais pertenciam à população base.

No modelo linear misto para ajuste de PS, foram considerados no modelo, como aleatórios; os efeitos genético direto de animal, genético materno e de ambiente permanente materno, além do grupo de contemporâneos (sexo, fazenda de manejo e grupo de manejo à desmama e ao sobreano, ano e estação de nascimento, mês e ano da desmama e ao sobreano). Como efeitos fixos incluíram-se, a idade do animal ao sobreano e idade da vaca ao parto (2-16 anos), efeitos linear e quadrático.

Duas abordagens distintas foram adotadas no tratamento de paternidade desconhecida para os animais filhos de RM. No modelo de paternidade desconhecida os grupos de RM foram ignorados, ou seja, os grupos de RM são tratados como pais

desconhecidos de uma única população base. Já no modelo de grupos genéticos, a esses animais foram atribuídos pais ‘imaginários’, considerando cada grupo de RM um grupo genético diferente. Esse efeito de grupo de RM representa uma estimativa do valor genético médio dos touros pertencentes ao grupo. As análises foram realizadas sob enfoque bayesiano, utilizando métodos Monte Carlo via cadeias de Markov, de 400.000 ciclos, sendo os 10.000 primeiros ciclos descartados usando o programa InterGen (Cardoso, 2007). Para verificar o modelo de melhor ajuste foram utilizados o critério de informação da deviance (DIC) (Spiegelhalter et al., 2002) e pseudo fatores de Bayes (PFB) (Gelfand, 1996).

Resultados e Discussão

Com relação aos critérios de escolha de modelos empregados (Deviance baseada em PFB e DIC), onde menores valores indicam um melhor ajuste do modelo aos dados (Tabela 1), observou-se que o modelo com grupos genéticos foi o que proporcionou melhor ajuste.

Tabela 1- Média da deviance (DEV), penalidade para número efetivo de parâmetros (PD) e critério de informação da deviance (DIC) e deviance do Pseudo Fatores de Bayes (PFB-DEV) para o peso ao sobreano (PS).

Modelo	DEV	PD	DIC	PFB-DEV
Pat. desconhecida*	480.693	16.005	496.699	499.522
Grupos genéticos	478.191	17.767	495.959	499.532

*= Modelo de paternidade desconhecida;

Observou-se pequeno acréscimo no valor da herdabilidade direta do PS quando o modelo incluiu os grupos genéticos. As herdabilidades para o efeito direto encontradas no presente trabalho (Tabela 2) encontram-se dentro do intervalo descrito por Mercadante et al., (1995) em trabalho de revisão.

Tabela 2- Parâmetros genéticos com seus respectivos desvio padrão para peso ao sobreano (PS) obtido pelo modelo de pais desconhecidos e pelo de grupos genéticos.

Parâmetros	Modelos	
	Pais desconhecidos	Grupo genético
σ_a^2	110,16 ± 7,92	130,80 ± 9,23
σ_e^2	306,24 ± 5,17	293,50 ± 5,82
σ_m^2	11,32 ± 1,58	10,09 ± 1,44
σ_{am}	6,29 ± 2,80	1,89 ± 3,21
σ_F^2	454,60	456,96
h^2_d	0,24 ± 0,02	0,29 ± 0,02
h^2_m	0,02 ± 0,00	0,02 ± 0,00
r_{dm}	0,18 ± 0,08	0,06 ± 0,09

σ_a^2 = variância genética aditiva; DP= desvio padrão; σ_e^2 = variância residual; σ_m^2 = efeito materno; σ_{am} = covariância entre efeito materno e direto; σ_F^2 = Variância fenotípica; RG= correlação genética; h^2_d = herdabilidade direta; h^2_m = herdabilidade de efeito materno; r_{dm} = correlação entre os efeitos genéticos direto e materno

A baixa herdabilidade materna estimada neste período, comprova a pequena dependência dos animais em relação às suas mães no período pós-desmama e concorda com os resultados encontrados por Gunsky et al., (2001).

A covariância e a correlação entre os efeitos genéticos e maternos foram positivas e baixas e contraria a descrita por Gunski et al., (2001). Houve uma pequena diferença na variância residual para PS entre o modelo que inclui somente animais com paternidade conhecida e o de grupos genéticos.

Conclusões

O peso ao sobreano poderá responder eficientemente à seleção, e o modelo que inclui grupo genético foi o mais adequado para analisar este peso.

Literatura Citada

- CARDOSO, F.F. **Manual de utilização do Programa INTERGEN – Versão 1.0 em estudos de genética quantitativa animal**. Bagé: Embrapa Pecuária Sul, 2007. p.45.
- GELFAND, A.E. Model determination using sampling-based methods. In: **Markov Chain Monte Carlo in Practice**, 1996. p.145-161.
- GUNSKY, R.J.; GARNEIRO, A.D.V.; BORJAS, A.R.L. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para características incluídas em critérios de seleção em gado Nelore. **Ciência Rural**, v.31, n.4, p.603-607, 2001.
- MERCADANTE, M.E.Z.; LÔBO, R.B.; BORJAS, A. de los R. Parâmetros genéticos para características de crecimiento en cebuínos de carne. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**, v.3, n.1, p.45-89, 1995
- ROSO, V.M.; SCHENKEL, F.S. AMC – A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. In: **WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION**, 8., 2006, Belo Horizonte. **Proceedings ...** Belo Horizonte, 2006.
- SPIEGELHALTER, D.J.; BEST, N.G.; CARLIN, B.P. et al. Bayesian measures of model complexity and fit. **Journal of the Royal Statistical Society Series B-Statistical Methodology**, v.64, p.583-616, 2002.