



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

Inferência Bayesiana na estimação de parâmetros genéticos e componentes de (co)variância para características de desenvolvimento ponderal da raça Simental

Marco Godinho Dib¹, Francisco Ribeiro Araújo Neto², Luiz Fernando Aarão Marques³,
Luís Gustavo Girardi Figueiredo⁴, Rogério Abdallah Curi⁵, Henrique Nunes de Oliveira⁶

¹Aluno de graduação de Zootecnia da FMVZ da UNESP/Botucatu-SP, financiado pelo CNPq. Email: marcogdib@globo.com

²Mestrando do Programa de Pós-graduação em Zootecnia – UNESP/Jaboticabal-SP. Bolsista da CAPES.

³Centro de Ciências Agrárias - CCA – UFES - ES.

⁴Doutor em Zootecnia - FZEA - USP/Pirassununga-SP

⁵Pós-Doutorando do Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal - FMVZ - UNESP/Botucatu-SP

⁶Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal - FMVZ - UNESP/Botucatu-SP

Resumo – Estimativas de componentes de (co)variância foram obtidas a partir de uma amostra de 21.659 dados de peso a desmama(PD), ganhos de peso do desmame aos 365(GD3), 365 aos 550(G35) e 550 aos 730 dias(G57), e com informações de genealogia de 85.761 animais da raça Simental cedidos pela Associação Brasileira dos Criadores da Raça Simental(ABCRS). Componentes de variância foram estimados em uma abordagem Bayesiana sob modelo animal multi-características. As herdabilidades estimadas foram baixas: 0,16(PD); 0,12(GD3), 0,11(G35) e 0,15(G57) para efeitos diretos e para efeito materno 0,05(PD). Para correlações de ambiente os valores ficaram por volta de zero, exceto entre G35 e G57 que foi 0,20. Valores de correlações genéticas foram altas e positivas variando entre 0,38(entre GD3 e G35) e 0,72(entre GD3 e G57). Para peso aos 365, peso aos 550 e peso aos 730 as herdabilidades foram respectivamente 0,21; 0,26 e 0,32. Esses resultados confirmaram que a seleção para estas características de crescimento pode ser efetiva. Embora o gado Simental seja conhecido entre as raças de corte por sua boa habilidade materna, a variação entre vacas tem um papel menor na variação do crescimento de bezerros puros no Brasil.

Palavras-chave: inferência bayesiana, componentes de (co)variância, parâmetros genéticos

Bayesian inference to estimate genetic parameters and (co)variance components in growth trait in Brazilian Simmental Cattle

Abstract – Estimates of variance components were obtained from a sample of 21.659 records of weaning weight(WW) and weight gains from weaning to yearling(GWY), yearling to 550-day(GY5), and 550 to 730-day(G57) and a pedigree of 85.761 animals of Simmental cattle raised in Brazilian farms. Data were collected by Brazilian Simmental Breeders Association(ABCRS). Variance components were estimated within a Bayesian context considering a multiple trait animal model. Posterior means of heritability estimates

were low: 0,16(WW); 0,12(GWY); 0,11(GY5) and 0,16(G57) for the direct effects and 0,05 for maternal effect(WW). For the environmental correlations the posterior means were near to zero, except for the between GY5 and G57(0.20). Genetic correlations values were high and positive ranging from 0,38(between GWY and GY5) to 0,72(between GWY and G57). For yearling, 550 days and 730 days heritabilities were, respectively, 0.21; 0.26 and 0.32. Results confirm that selection for growth on Simmental should be effective. Although Simmental cattle are recognized among beef breeds by their good maternal ability, genetic variation among cows plays minor role on the variation of calf growth in Brazil.

Keywords: bayesian inference, growth traits, genetic parameters

Introdução

Os programas de seleção de bovinos de corte têm sido utilizados no Brasil para obtenção de animais mais adequados às suas condições de criação e produção. Os objetivos de seleção nestes programas incluem geralmente características de crescimento, e algumas vezes características morfológicas e reprodutivas. A estimação dos parâmetros genéticos é importante não apenas para a determinação do melhor método de seleção, mas também é necessário para a realização das avaliações genéticas, para formação de índices econômicos de seleção e para a avaliação de respostas em índices empíricos.

A raça Simental possui características importantes para a produção de carne com eficiência, tais como precocidade, velocidade de crescimento, produção de leite e qualidade de carcaça (Marques, 2000). A avaliação genética do gado Simental no Brasil contempla pesos em diversas idades, mas os dados são sempre analisados com modelos uni ou bicaracterísticas envolvendo o peso ao desmame. Não existem disponíveis na literatura estimativas conjuntas de parâmetros genéticos para características de crescimento desde o desmame até dois anos de idade.

O objetivo deste estudo foi estimar, aplicando os métodos de inferência Bayesiana, componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para características de desenvolvimento ponderal da raça Simental no Brasil, com modelos multicaracterísticas para utilização em avaliação genética e definição de índices de seleção.

Material e Métodos

Os dados utilizados neste trabalho foram cedidos pela Associação Brasileira dos Criadores das Raças Simental e Simbrasil (ABCRS). Após um rigoroso processo de consistência destes dados por meio do programa SAS (Statistical Analysis System), uma amostra de 21.659 dados de pesos a desmama e ganhos de peso do desmame aos 365 dias, dos 365 aos 550 dias e dos 550 aos 730 dias de idade, bem como dados de genealogia de 85.761 animais foram utilizados na análise.

Componentes de (co)variância foram estimados utilizando um modelo animal multicaracterísticas com efeitos fixos de grupos de contemporâneos (específicos para cada idade) e idade da vaca em classes, efeitos aleatórios direto e maternos do animal, além dos efeitos de ambiente permanente materno. Os efeitos maternos, tanto genéticos quanto permanentes de ambiente, foram incluídos apenas no modelo para peso a desmama. Assumiu-se que as covariâncias entre os efeitos diretos e maternos eram nulas.

Optou-se por uma abordagem bayesiana em função da menor exigência computacional para realização das análises com um grande número de parâmetros. O programa GIBBS2F90 (Misztal, 2007) foi utilizado. No desenvolvimento deste programa o autor considera que os dados tenham distribuição normal multivariada, isto é: $y | \beta, a, m, ep$,

$\sigma^2 \sim \text{MVN}[X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_2ep, I_n\sigma^2]$, onde X , Z_1 e Z_2 são matrizes de incidência apropriadas, β , a , m e ep são vetores de, respectivamente, efeitos fixos, genéticos diretos, genéticos maternos e de ambiente materno. Considera ainda distribuições *a priori* pouco informativas para os componentes de (co)variâncias e para os efeitos fixos. Para os efeitos genéticos uma estrutura de covariância correspondente à matriz de parentesco é considerada. Para os efeitos de ambiente permanente e residual considera distribuições normais com covariância nula tanto entre os efeitos de ambiente permanente, como entre os residuais. Desta forma, as pressuposições para as distribuições *a priori* no modelo são: $a \mid \sigma_a^2, A \sim \text{N}(0, A \sigma_a^2)$; $m \mid \sigma_m^2, A \sim \text{N}(0, A \sigma_m^2)$; $ep \mid \sigma_{ep}^2 \sim \text{N}(0, I_{ep} \sigma_{ep}^2)$ e $e \mid \sigma_e^2 \sim \text{N}(0, I_e \sigma_e^2)$, onde, A é a matriz de parentesco; I_{ep} e I_e são matrizes identidade de ordem apropriada; σ_a^2 é a variância genética aditiva direta; σ_m^2 é a variância genética aditiva materna; σ_{ep}^2 é a variância dos efeitos de ambiente permanente; e σ_e^2 é a variância residual. Todas as distribuições condicionais são fechadas de forma que é possível utilizar o amostrador de Gibbs para obtenção das amostras da distribuição marginal posterior de cada parâmetro.

Na implementação das análises foi adotado um período de descarte inicial de 20.000 iterações, seguido por 1.200.000 de iterações, sendo tomadas amostras a cada intervalo de 100 ciclos. Desta forma, foi armazenado um total nominal de 12.000 amostras para análises pós-Gibbs. Inspeção gráfica e o programa Gibanal (VanKaam, 1998) foram utilizados para análise da convergência das cadeias e para obtenção do número efetivo de amostras.

Os componentes de (co)variância, foram estimados para o peso a desmama e para os ganhos de peso da desmama aos 365 dias, dos 365 aos 550 dias e dos 550 aos 730 dias. Os componentes de (co)variância para os pesos aos 365 dias, aos 550 dias e aos 730 foram obtidos a partir dos componentes dos ganhos de peso, considerando as propriedades de soma de variâncias. As herdabilidades e correlações genética e de ambiente foram obtidos a partir destes componentes.

Resultados e Discussão

Tanto a inspeção gráfica quanto a análise de convergência realizada de acordo com o programa Gibanal, mostraram que o período de descarte inicial assumido (20.000 amostras) foi suficiente para que a cadeia atingisse a convergência. Contudo, como as amostras, mesmo tomando apenas uma a cada cem iterações, mostravam-se com alta correlação serial, os tamanhos efetivos das cadeias foram reduzidos, variando de 130 a 270, mas suficiente para inferências sobre as medidas de tendência central das estimativas.

As médias posteriores dos coeficientes de herdabilidade foram baixas para o pesos a desmama e para os ganhos de peso (Tabela 1). Para o efeito materno do peso a desmama foi de apenas 0,05. Para os pesos aos 365, 550 e 730 dias (Tabela 2) as herdabilidades foram muito mais altas, estando próximas àquelas obtidas por Marques (2000) na mesma raça, utilizando modelos bivariados em abordagem frequentista.

As correlações genéticas entre o peso a desmama e os ganhos de peso e destes entre si foram de moderadas a altas revelando que as características são determinadas em grande parte pelos mesmos genes e que a seleção para uma destas características trará resposta em todas as outras. Com relação às correlações ambientes, notou-se que os valores foram muito baixos, assumindo em alguns casos valores negativos e quanto mais próximas às medidas, menores foram as correlações de ambiente. As mudanças nos fatores climáticos ao longo do ano poderiam ser a causa destas correlações negativas, uma vez que os animais que estiveram em condições favoráveis em um período, no período subsequente estariam em

condições menos favoráveis (p.e. desmama no final da época de chuvas e ganho da desmama ao ano em época de seca). Para os pesos, as correlações genéticas foram todas muito altas, enquanto as correlações ambientais foram moderadas.

Tabela 1- Estimativa da herdabilidade direta (diagonal), correlações genéticas (triangular superior) e ambientais (triangular inferior) e respectivos desvios padrão das medidas do peso a desmama e ganhos de peso.

	PD	GD3	G35	G57
PD	0,16±0,026	0,50±0,121	0,47±0,163	0,61±0,162
GD3	-0,13±0,021	0,12±0,021	0,38±0,177	0,73±0,213
G35	0,01±0,028	-0,21±0,023	0,11±0,023	0,45±0,156
G57	-0,04±0,035	0,03±0,033	-0,20±0,025	0,15±0,027

Tabela 2- Estimativa da herdabilidade direta (diagonal), correlações genéticas (triangular superior) e ambientais (triangular inferior) e respectivos desvios padrão das medidas do peso a desmama, peso aos 365, aos 550 e aos 730 dias.

	PD	P365	P550	P730
PD	0,16±0,026	0,88±0,038	0,84±0,049	0,85±0,054
P365	0,59±0,014	0,21±0,027	0,94±0,025	0,98±0,043
P550	0,50±0,019	0,71±0,012	0,26±0,030	1,00±0,023
P730	0,42±0,025	0,63±0,024	0,79±0,017	0,31±0,034

Conclusões

Os parâmetros genéticos estimados para os pesos e ganhos de peso da raça Simmental mostraram que a seleção para aumento destes poderá trazer respostas bastante rápidas, sendo possível selecionar os animais em idades mais jovens e obter respostas correlacionadas em todas as idades. A inferência Bayesiana mostrou-se uma metodologia adequada para a obtenção destes componentes em análises multivariadas com grande número de parâmetros.

Literatura Citada

- FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; REYES, A. de los et al. Bayesian inference in a quantitative genetic study of growth traits in Nelore cattle (*Bos indicus*). **Genetic and Molecular Biology**, v.30, n.3, p.545-551, 2007.
- MAGNABOSCO, C.U.; LÔBO, R.B.; OLIVEIRA, H.N. Bayesian inference for genetic parameter estimation on growth traits for Nelore cattle in Brazil, using the Gibbs sampler. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.117, p.169-188, 2000.
- MARQUES, L.F.A.; PEREIRA, J.C.C.; OLIVEIRA, H.N.; SILVA, M.A.; BERGMANN, J.A.G. Analyse of growth traits in Simmental breed in Brazil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.52, n.5, 2000.
- MISZTAL, I. 2007. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignancy/newprograms.html>>.
- Van TASSEL, C.P.; Van VLECK, L.D. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models; flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance components inference. **Journal of Animal Science**, v.74, n.11, p.2586-2597, 1996.