

VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

Estimativas de herdabilidade da conformação frigorífica à desmama de animais Nelore utilizando modelos lineares e de limiar

Raphael Rocha Wenceslau¹, Bruno Dourado Valente², Vivian Paula Silva Felipe², Martinho de Almeida e Silva², Antônio do Nascimento Rosa³, Paulo Roberto Costa Nobre³, Leonardo Martin Nieto³

¹Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia - Universidade Federal de Minas Gerais/Belo Horizonte. Bolsista da CAPES. e-mail: rwenceslau@hotmail.com

²Departamento de Zootecnia - Universidade Federal de Minas Gerais/Belo Horizonte

³EMBRAPA CNPQC/Campo Grande

Resumo: O objetivo deste estudo foi estimar a herdabilidade da conformação frigorífica à desmama por meio de modelos lineares e não lineares. Um total de 25.848 informações de conformação frigorífica à desmama de animais Nelore foi utilizado nas análises. Três metodologias foram propostas para se obterem estimativas dos componentes de (co)variância e herdabilidade para a característica estudada. A análise por meio de modelo linear sob o ponto de vista frequentista, análise por meio de modelo linear sob enfoque bayesiano e a análise com utilização de modelo de limiar por meio de inferência bayesiana. As estimativas de herdabilidade da conformação frigorífica à desmama foram semelhantes para todas as análises.

Palavras-chave: escore visual, gado de corte, inferência bayesiana, máxima verossimilhança restrita, parâmetro genético, qualidade de carcaça

Heritability estimates of slaughter conformation at weaning for Nelore cattle by linear and threshold models

Abstract: This study was carried out to estimate heritability of slaughter conformation at weaning by linear and threshold models. A total of 25,848 Nelore cattle records of slaughter conformation at weaning were used in the analyses. Three methods were used to obtain estimates of heritability: the frequentist linear model, the linear model under Bayesian approach and the Bayesian threshold model. Heritability estimates for slaughter conformation at weaning obtained by all analyses were similar.

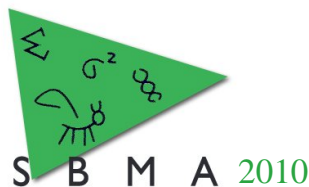
Keywords: bayesian inference, beef cattle, carcass quality, genetic parameter, restricted maximum likelihood, visual score

Introdução

Os programas de melhoramento genético de gado de corte, no Brasil, utilizam a metodologia de modelo linear para a avaliação genética dos animais. Porém, algumas características de interesse econômico, como os escores de conformação frigorífica, apresentam distribuição discreta. Tal fato faz com que algumas pressuposições do modelo linear misto sejam violadas. Assim, os procedimentos lineares são descritos como não apropriados para quantificar a natureza discreta dos dados, (GIANOLA, 1982; ABDEL-AZIM e BERGER, 1999) e, modelos de limiar são sugeridos para análise destas características. Segundo Van Tassel et al. (1998), a aplicação de modelos de limiar para avaliação de características categóricas poderá promover ganhos genéticos em razão da melhor identificação de animais com valores genéticos superiores e obtenção de herdabilidades mais altas na escala subjacente. O presente estudo foi realizado com objetivos de estimar a herdabilidade da conformação frigorífica à desmama de animais Nelore, por meio de modelos lineares e não lineares.

Material e Métodos

Um total de 25.848 informações da conformação frigorífica à desmama de animais Nelore participantes da avaliação genética realizada pelo Programa Embrapa de Melhoramento de Gado de Corte – Genepplus foi utilizado nas análises. Os escores de avaliação visual de conformação frigorífica



VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

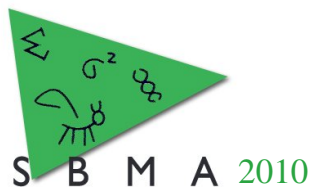
Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

(avaliação da harmonia entre desenvolvimento de musculatura, acabamento de gordura subcutânea e estrutura da carcaça) são definidos pela avaliação comparativa de animais dentro do mesmo grupo contemporâneo. Essa característica apresenta seis categorias de resposta (um a seis), das quais o escore seis representa a expressão mais desejável da característica. Os efeitos sistemáticos para conformação frigorífica à desmama consistiam em grupos contemporâneos que foram definidos pelos fatores: sexo, estação de nascimento, ano de nascimento, fazenda, regime alimentar e data de avaliação. Modelos lineares e não lineares foram aplicados para a análise da característica estudada. A primeira análise linear se baseou na metodologia da Máxima Verossimilhança Restrita (Patterson e Thompson, 1971) para obtenção dos componentes de (co)variância e foi empregada por meio do programa REMLF90 (Misztal, 2000). Para a análise linear sob ponto de vista bayesiano, a inferência dos componentes de (co)variância foi feita a partir do programa GIBBS2F90 (Misztal, 2009). O período inicial de descarte (“burn-in”) foi definido pelo método de Raftery & Lewis (1992). O intervalo de amostragem (“thinning”) foi obtido de acordo com metodologia descrita por Van Tassel et al. (1998). A média *a posteriori* e o intervalo HPD95% da herdabilidade foram obtidos a partir da distribuição *a posteriori* deste parâmetro. Para o modelo de limiar sob inferência bayesiana, as distribuições *a posteriori* dos parâmetros de interesse foram obtidas por meio do programa THRGIBBS1F90 (Tsuruta & Misztal, 2009). O período inicial de descarte e o intervalo de amostragem foram definidos como descrito para o modelo linear. O modelo linear utilizado foi $y = Xb + Z_1a + Z_2m + e$, em que y é vetor de observações, b é vetor de efeitos fixos sob o ponto de vista frequentista (grupo contemporâneo, idade da mãe à avaliação – efeito linear, idade da mãe à avaliação – efeito quadrático, idade do animal à avaliação – efeito linear), a é vetor de efeitos genéticos aditivos diretos, m é vetor de efeitos genéticos aditivos maternos, e e é vetor dos resíduos do modelo. X , Z_1 , Z_2 são matrizes de incidência dos efeitos b , a e m . A distribuição condicional de Y dados os parâmetros de local b , a e m , e o parâmetro de dispersão σ_e^2 pode ser descrita como, $y | b, a, m, \sigma_e^2 \sim N(Xb + Z_1a + Z_2m, I\sigma_e^2)$. Para as análises sob inferência bayesiana, a distribuição qui quadrada invertida foi assumida como a distribuição *a priori* da variância genética aditiva, variância genética aditiva materna e variância residual. Distribuição “não informativa” foi assumida como sendo a distribuição *a priori* dos “efeitos fixos”. As distribuições *a priori* assumidas para o efeito genético aditivo e o efeito genético aditivo materno foram, respectivamente, $p(a | \sigma_a^2) \sim N(0, A\sigma_a^2)$ e $p(m | \sigma_m^2) \sim N(0, A\sigma_m^2)$. Para fazer o modelo de limiar identificável, o valor do primeiro limiar foi fixado como zero e do segundo limiar fixado como um (Van Tassel et al., 1998). Distribuição *a priori* uniforme foi assumida para os outros limiares.

Resultados e Discussão

A herdabilidade para conformação frigorífica à desmama estimada pelo método REML foi 0,1261. As distribuições *a posteriori* das herdabilidades obtidas pelos modelos linear e de limiar, sob inferência bayesiana, são apresentadas na Figura 1. A herdabilidade estimada por meio da máxima verossimilhança restrita e as médias *a posteriori* das herdabilidades obtidas por inferência bayesiana foram de baixa magnitude e estão de acordo com as observadas em estudos que utilizam a máxima verossimilhança para avaliação de características de escores visuais de carcaça à desmama. As herdabilidades da conformação frigorífica à desmama, obtidas por meio de todas as análises foram similares. Conclusão esta, semelhante à relatada por Faria et al. (2008) que avaliaram o uso de modelo linear e de limiar para avaliação da musculosidade, estrutura física e conformação à desmama em animais da raça Nelore. Marcondes et al. (2005) sugerem que análises sob modelo linear devem ser adotadas quando houver grande número de observações a serem analisadas, em razão do menor custo computacional e menor tempo gasto. Apesar da maior adequação teórica do modelo de limiar à avaliação da característica de conformação frigorífica à desmama, não houve mudança considerável nas estimativas da herdabilidade dessa característica, a partir dos diferentes modelos utilizados.



VIII Simposio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

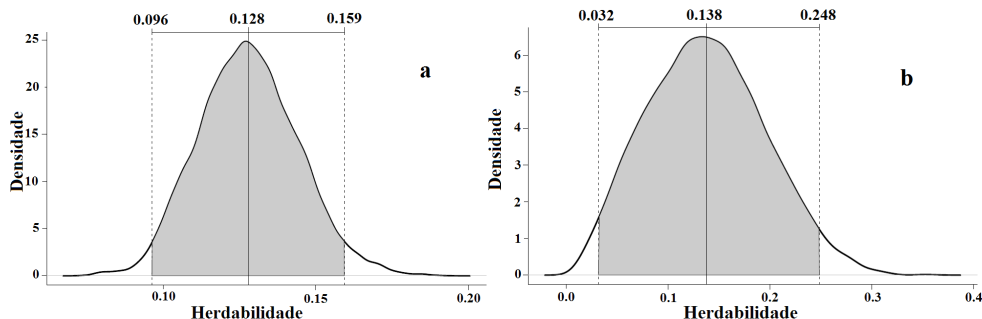


Figura 1 Densidade marginal *a posteriori*, média e HPD 95% da herdabilidade da conformação frigorífica à desmama obtidas por meio de modelo linear (a) e de limiar (b) sob inferência bayesiana.

Conclusões

Não houve mudança considerável nas estimativas da herdabilidade da conformação frigorífica à desmama estimadas por meio de modelos lineares e de limiar.

Literatura citada

- ABDEL-AZIM, G.A.; BERGER, P.J. Properties of threshold model predictions. **J. Anim. Sci.** v.77, p. 582-590, 1999.
- FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. Análise genética de escores de avaliação visual de bovinos com modelos bayesianos de limiar e linear. **Pesq. Agropec. Bras.**, v.43, n.7, p. 835-841, 2008.
- GIANOLA, D. Theory and analysis of threshold characters. **J. Anim. Sci.** v.54, 1079-1096, 1982.
- MARCONDES, C.R.; PANETO, J.C.C.; SILVA, J.A.V. et al. Comparação entre análises para permanência no rebanho de vacas Nelore utilizando modelo linear e modelo de limiar. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.**, v.57, p.234-240, 2005.
- SORENSEN, D.A.; ANDERSEN, S.; GIANOLA, D.; KORSGAARD, I. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. **Genetics Selection Evolution**, v.27, p.229-249, 1995.
- VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D.; GREGORY, K.E. Bayesian analysis of twinning and ovulation rates using a multipletrait threshold model and Gibbs sampling. **J. Anim. Sci.**, v.76, p. 2048-2061, 1998.