

VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento de machos Nelore em provas de ganho de peso, utilizando diferentes modelos¹

Maria Eugênia Zerlotti Mercadante^{4,6}, Fernando Baldi², Josineudson Augusto II Vasconcelos Silva³, Joslaine N.S.G. Cyrillo⁴, Sarah Figueiredo Martins Bonilha⁴, Lúcia Galvão de Albuquerque^{5,6}

¹Projeto financiado pelo CNPq.

²Programa de Pós-graduação em Zootecnia - UNESP, Campus de Jaboticabal, SP. fbaldi_2005@hotmail.com

³Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal, FMVZ, UNESP, Botucatu. e-mail. jaugusto@fmvz.unesp.br

⁴Centro de Pesquisa em Pecuária de Corte – Instituto de Zootecnia – Sertãozinho, SP. corte@iz.sp.gov.br

⁵Departamento de Zootecnia, FCAV-UNESP, Jaboticabal. lgalb@fcau.unesp.br

⁶Bolsista CNPq.

Resumo: O objetivo do presente estudo foi estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para pesos obtidos em provas de ganho de pesos (PGP) de touros da raça Nelore utilizando modelos de regressão aleatória e análise multicaracterísticas. O modelo que considerou polinômios de Legendre de terceira e quinta ordem para os efeitos genético direto e de ambiente permanente direto, respectivamente, e de segunda ordem para os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno, foi suficiente para modelar as mudanças das variâncias do peso com a idade dos animais. Os modelos de regressão aleatória apresentaram estimativas de variâncias e parâmetros genéticos semelhantes aos obtidos utilizando um modelo multicaracterísticas. Os pesos durante a PGP possuem variação genética aditiva para responder à seleção.

Palavras-chave: correlações genéticas, funções de covariância, herdabilidade, teste de desempenho

Genetic parameter estimates for growth traits of Nelore bulls in test station, using different models

Abstract: The objective of this study was to estimate (co)variance components and genetic parameters for weights of Nelore bulls station-tested using random regression and multi-trait models. A model considering third and fifth Legendre polynomial order for the additive direct genetic and permanent environmental effects, respectively, and second order for the additive maternal genetic and permanent environmental effects, was sufficient to describe the covariance structure of the data. The variance components and genetic parameter estimates obtained by random regression models and multi-trait models were similar. The weights of Nelore bulls station-tested have enough genetic variation for respond to selection.

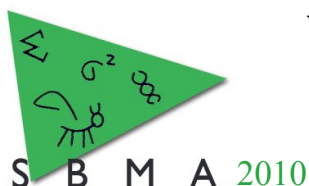
Keywords: genetic correlation, covariance functions, heritability, performance test

Introdução

Os modelos de regressão aleatória descrevem de forma contínua a estrutura de covariâncias ao longo do tempo e permitem estimar os valores genéticos para pesos em qualquer idade, em contraste com as análises multicaracterísticas, que fornecem predições pontuais (idade padrão). As provas de ganho de peso (PGP) permitem comparar tourinhos jovens provenientes de diferentes rebanhos, sob condições padronizadas de ambiente, para identificar os animais geneticamente superiores para peso e/ou ganho de peso. Há pequeno número de trabalhos sobre parâmetros genéticos de características de crescimento obtidas em PGP (Gengler et al., 1995; Nephawe et al., 2006; Schenkel et al., 2002). Além disso, embora a seleção dos animais em PGP seja pontual, isto é, baseada somente no desempenho individual referente àquele grupo de contemporâneos, há disponibilidade de dados dos anos anteriores que podem estar conectados ano a ano via parentesco, e que podem ser utilizados nas análises para aumentar a acurácia dessas avaliações. O objetivo do presente estudo foi estimar componentes de variância e parâmetros genéticos para pesos obtidos em provas de ganho de pesos de machos da raça Nelore utilizando modelos de regressão aleatória e análise multicaracterísticas.

Material e Métodos

Os dados utilizados nesse estudo foram provenientes de 4.758 machos da raça Nelore participantes da Prova de Ganho de Peso em confinamento do Centro de Pesquisa em Pecuária de Corte-IZ, nos anos de 1978 a 2007. Os pesos foram tomados na entrada da PGP, e a cada 56 dias totalizando



VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

168 dias de PGP, constituindo quatro pesagens por animal. As estatísticas descritivas (média± desvio padrão) dos pesos utilizados na análise multicausal foram 202±35, 245±39, 291±40 e 327±38 para o peso aos 210(P210), 266(P266), 322(P322) e 378 dias de idade (P378), respectivamente. Na análise multicausal o modelo incluiu o efeito fixo de grupo de contemporâneos (ano-mês de nascimento), a classe de idade da mãe ao parto (2 a 12 anos) e como covariável (efeito linear) a idade do animal no momento da pesagem. Além disso, foram considerados como aleatórios o efeito genético aditivo direto e materno, e de ambiente permanente materno. Nos modelos de regressão aleatória, o grupo de contemporâneos (GC) incluiu animais nascidos no mesmo mês e ano, e pesados no mesmo mês. Foram excluídos registros de pesos fora dos intervalos dados pela média do grupo de contemporâneos mais ou menos três desvios-padrão. Além disso, grupos de contemporâneos com menos de cinco animais, bem como animais com menos de três medidas de peso não foram considerados na análise. Um total de 348 GC foram criados, e em média cada animal possuía 3,9 pesagens. As análises de regressão aleatória foram realizadas utilizando polinômio ortogonal de Legendre de terceira ordem para modelar a tendência da média populacional. Foram considerados quatro efeitos aleatórios: os efeitos genéticos direto (a) e materno (m), de ambiente permanente direto (p) e materno (c), e diferentes ordens (k) de polinômio para cada efeito. Para o efeito genético aditivo direto (a) foram utilizados polinômios quadrático e cúbico. Para o efeito genético materno e de ambiente permanente materno foram utilizados polinômios linear e quadrático. O efeito de ambiente permanente do animal foi modelado considerando polinômios quadráticos, cúbicos e quarticos. As variâncias residuais foram modeladas considerando-se 1 e 4 (161-222; 223-284; 285-346; 347-450 dias de idade) classes. As funções de covariâncias foram estimadas utilizando-se modelos de regressão aleatória pelo método de máxima verossimilhança restrita, utilizando-se o programa Wombat (Meyer, 2006). Os modelos de regressão aleatória foram comparados usando-se o logaritmo da função de verossimilhança (log L), as formas de máxima verossimilhança restrita dos critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC), bem como pela inspeção das variâncias e parâmetros genéticos estimados. A matriz de parentesco continha 21.285 animais com 4.011 touros.

Resultados e Discussão

O modelo contendo homogeneidade de variâncias residuais promoveu o pior ajuste, indicando que a variância residual teve comportamento diferente no decorrer da PGP (Tabela 1). Os critérios log L e AIC indicaram o modelo L4353r4, com 41 parâmetros, como o mais adequado para modelar a estrutura de covariâncias ao longo da PGP. Entretanto, o critério BIC, que penaliza os modelos com maior número de parâmetros, indicou o modelo L3252r4 com 31 parâmetros. As estimativas de herdabilidade direta obtidas pelos modelos L3252r4 e L4353r4, bem como pela análise multicausal foram moderadas e semelhantes, variando de 0,29 a 0,44 (Figura 1).

Tabela 1 Ordem de ajuste das funções de covariância (k), número de parâmetros (p), valor da função de máxima verossimilhança (Log L), Critérios de Informação de Akaike (AIC), Informação Bayesiano de Schwarz (BIC) e teste de razão de verossimilhança (LRT), para os modelos utilizando classes e funções de variâncias residuais.

Modelo ¹	k _a	k _m	k _p	k _c	r	np	Critério estatístico ²		
							log L	AIC	BIC
L3333r1	3	3	3	3	1	25	-55.339	110.729	110.925
L3333r4	3	3	3	3	4	28	-55.236	110.530	110.749
L3343r4	3	3	4	3	4	32	-55.110	110.285	110.535
L3353r4	3	3	5	3	4	37	-55.065	110.205	110.495
L3252r4	3	2	5	2	4	31	-55.073	110.209	110.452
L4343r4	4	3	4	3	4	36	-55.090	110.254	110.535
L4353r4	4	3	5	3	4	41	-55.051	110.185	110.506

¹L_{k_ak_mk_pk_c}r: ordem da função de covariâncias para os efeitos genético aditivo direto (k_a), materno (k_m), de ambiente permanente de animal (k_p) e materno (k_c) e a estrutura de variâncias residuais (r) ²Valores em negrito indicam o melhor modelo com base em AIC, BIC e log L

As estimativas de herdabilidade materna e da variância de ambiente permanente materna como proporção da variância fenotípica total, obtidas pelos modelos de regressão aleatória (L3252r4 e L4353r4)

e pela análise multicaracterísticas foram semelhantes e diminuíram conforme a idade dos animais aumentou (Figura 1). As estimativas da variância de ambiente permanente de animal como proporção da variância fenotípica total, foram semelhantes para os modelos L3252r4 e L4353r4 e, incrementaram-se conforme a idade aumentou. Já, as estimativas de correlações genéticas entre os pesos obtidas pelos modelos L3252r4 e multicaracterísticas foram altas e semelhantes, variando de 0,84 a 0,98.

Conclusões

O modelo que considerou polinômios de Legendre de terceira e quinta ordem para os efeitos genético direto e de ambiente permanente direto, respectivamente, e de segunda ordem para o efeito genético materno e de ambiente permanente materno, foi suficiente para modelar as mudanças das variâncias do peso com a idade dos animais. Os modelos de regressão aleatória apresentaram estimativas de variâncias e parâmetros genéticos semelhantes aos obtidos utilizando um modelo multicaracterísticas. Os pesos durante a PGP possuem variação genética aditiva suficiente para responder à seleção.

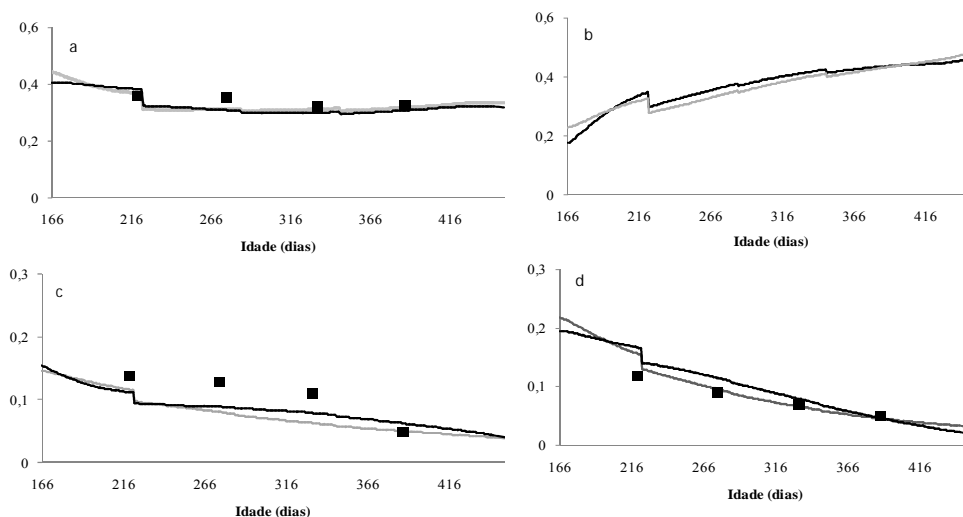


Figura 1. Estimativas de herdabilidade direta (a) e materna (c), estimativa da variância de ambiente permanente de animal (b) e materna (d) como proporção da variância fenotípica total, obtidas por modelos de regressão aleatória para L3252r4 (linha cinza) e L4353 (linha preta) e por análise multicaracterísticas (■).

Literatura citada

- GENGLER, N.; SEUTIN, C.; BOONEN, F. et al. Estimation of genetic parameters for growth, feed consumption, and conformation traits for double-muscle Belgian Blue bulls performance-tested in Belgium. **Journal of Animal Science**, v.73, p.3269-3273, 1995.
- MEYER, K. "WOMBAT" – Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: World Congress on genetic applied to Livestock Production, 8, 2006, Belo Horizonte. Proceedings... Belo Horizonte, 2006, CD-ROM.
- NEPHAWE, K.A.; MAIAWASHE, A.; THERON, H.E. The effect do herd of origin by year on post-weaning traits of young beef bulls at centralized testing centers in South Africa. **South Africa Journal of Animal Science**, v.31, p.33-39, 2006.
- SCHENKEL, F.S.; MILLER, S.P.; JAMROZIK, J. et al. Two-step and random regression analyses of weight gain of station-tested beef bulls. **Journal of Animal Science**, v.80, p.1497-1507, 2002.