

VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

Efeito da inclusão de animais providos de transferência de embriões na avaliação genética de medidas ponderais na raça Simental

Talita Barban Bilhassi¹, Francisco Ribeiro de Araujo Neto², Iara Del Pilar Solar Diaz², Matilde da Conceição Pessoa³, Henrique Nunes de Oliveira⁴, Luiz Fernando Aarão Marques⁵

¹Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal - FCAV/Jaboticabal. Bolsista FAPESP. e-mail: talitabarban@yahoo.com.br

²Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal – FCAV/Jaboticabal. e-mail: netozoo@hotmail.com; iarasolar@hotmail.com

³Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal - FCAV/Jaboticabal. e-mail: matilde.pessoa@yahoo.com.br

⁴Departamento de Genética e Melhoramento Animal - FCAV/Jaboticabal. Bolsista Produtividade Cnpq. e-mail: holiveira@fcav.unesp.br

⁵Centro de Ciências Agrárias - CCA – UFES - ES.

Resumo: Informações de pesos padrão aos 100 e 210 dias de idade de animais da raça Simental foram utilizadas com o objetivo de testar abordagens de análise que possibilitem a inclusão de indivíduos de transferência de embrião (TE) ou fertilização in vitro (FIV) em avaliações genéticas. Foram determinadas três abordagens: MOD1 – procedimento usual em que se excluem animais oriundos de biotécnicas reprodutivas; MOD2 e MOD3 em que se incluem todos os indivíduos, sendo que na última abordagem, definiu-se uma estrutura residual heterogênea. Um modelo animal bi características foi empregado, e os componentes de variância foram estimados por inferência bayesiana. As estimativas de herdabilidade em MOD1 para P100 foram de 0,12, e para as abordagens MOD2 e MOD3 os valores variaram de 0,16-0,17 e para P210 os valores foram próximos entre todas as abordagens (0,15-0,17). Maiores mudanças foram evidenciadas nas correlações genéticas, sendo mais elevada quando não incluídos animais de transferência de embriões.

Palavras-chave: amostrador de gibbs, gado de corte, parâmetros genéticos

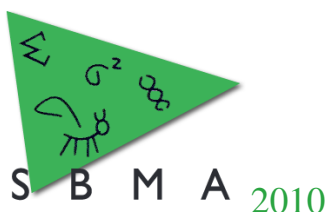
Effect of embryos transfer inclusion on genetic evaluation of weight measures in Simmental cattle

Abstract: With an objective to test different approaches of analysis with inclusion of individuals with embryos transfer (ET), weights at 100 (W100) and 210 days (W210) of age in Simmental breed animals were used. Three approaches were used: MOD1- usual procedure which excludes animals from reproductive biotechnologies; MOD2 and MOD3 which include all individuals. In the third approach, we defined a residual heterogeneous structure. A bi-trait animal model were used, and the variance components were estimated by bayesian inference. Heritability estimates were 0.12 for W100 MOD1, and for MOD2 and MOD3 values ranged from 0.16 to 0.17. For W210 values were similar between the three approaches (0.15 to 0.17). Major changes were observed in genetic correlations, with high values when it was included animals from embryo transfer.

Keywords: beef cattle, genetic parameters, gibbs samples

Introdução

A taxa reprodutiva dos bovinos pode ser aumentada com o uso de biotecnologias reprodutivas que, aliadas ao melhoramento genético pode acelerar as mudanças genéticas nos rebanhos. A superovulação, fecundação in vitro e transferência de embriões (TE) possibilitam aumentar o número de descendentes por vaca geneticamente superior, elevando a disseminação do material genético feminino com uso de receptoras de baixo valor genético ou mesmo de outras raças. Nos rebanhos bovinos, a adoção da TE, quando aliadas às técnicas de genética quantitativa, possibilita aumentar a intensidade de seleção, além de permitir redução no intervalo de gerações de fêmeas e conseqüentemente, acarretar maiores ganhos genéticos. Entretanto, um problema ao se considerar os indivíduos oriundos desta biotécnica nos processos de avaliação genética, é a avaliação dos efeitos maternos (aditivos e de ambiente permanente), uma vez que, o bezerro (a) é criado por uma mãe receptora, sendo a abordagem



VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

mais comumente empregada, sua exclusão das avaliações genéticas em características para as quais o efeito materno possa ser importante.

Em vista do exposto, o objetivo deste trabalho é aplicar modelos que possibilitem a inclusão destas informações sem provocar viés relacionado com as estimativas dos efeitos maternos.

Material e Métodos

Os dados de cerca de 30000 animais da raça Simental utilizados para neste trabalho foram cedidos pela Associação Brasileira dos Criadores das Raças Simental e Simbrasil (ABCRS). O procedimento de consistência dos dados foi realizado com uso do programa SAS (Statistical Analysis System), as informações de peso padronizado nas idades de 100 (P100) e 210(P210) dias, foram avaliados em modelos bi características utilizando-se de três abordagens. A primeira (MOD1) consiste no procedimento adotado correntemente nas avaliações genéticas da raça, onde animais provindos da técnica TE ou FIV são eliminados de avaliações genéticas, quando são incluídas características que avaliem os efeitos maternos (aditivos e de ambiente permanente). As demais abordagens (MOD2 e MOD3) incluem esses indivíduos e adotam a metodologia proposta por Van Vleck (1990), sendo que a terceira abordagem (MOD3) difere de MOD2 por adotar uma estrutura de variâncias residuais heterogêneas de acordo com o grupo de animais (Normal-N ou TE). Como as fêmeas utilizadas como receptoras normalmente não são da raça Simental e não se dispõem de maiores informações sobre estes animais, sua inclusão no pedigree se deu como animais sem genealogia conhecida.

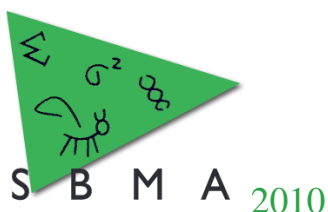
Os grupos de contemporâneos foram formados através da concatenação das variáveis: ano e estação de parição, sexo (M, F), propriedade, manejo e tipo de reprodução (N ou TE), sendo excluídos da análise de consistência dos dados, grupos compostos por menos que três animais, como também aqueles com progênies de um único touro. Nesta etapa, também eliminados animais com valores discrepantes (registros que se encontravam a 3,5 ou mais desvios padrão da média das características). As análises foram realizadas empregando-se o programa Gibbs2f90 (MISZTAL, 2010) para MOD1 e Gibbs3f90 (MISZTAL, 2010) para MOD2 e MOD3, nos quais se encontram implementados o algoritmo de Gibbs. Para cada análise foi gerada uma cadeia com 500000 ciclos, onde se considerou um burn-in de 100000, sendo a coleta de amostras a cada 20 interações e as análises pós-gibbs realizadas mediante a utilização do programa Gibanal (Van Kaan, 1997).

Resultados e Discussão

As estimativas das variâncias genéticas direta e materna apresentaram-se maiores quando da inclusão dos animais de TE (MOD2 e MOD3), entretanto, tal comportamento não foi verificado para os componentes relacionados ao ambiente permanente materno. Com relação ao componente de variância residual não houve diferenças importantes entre os modelos com relação às médias das estimativas e também não houve diferenças importantes entre os dois grupos (TE e N). Este resultado indica que apesar das receptoras serem de outra composição genética, não parece haver diferença na variação entre os dois grupos. Com relação aos parâmetros genéticos, os valores de herdabilidade dos efeitos diretos variaram de 0,12 a 0,16 para P100 e de 0,15 a 0,17 para P210. Estas estimativas foram superiores às reportadas por Marques et al. (1999), o qual obteve 0,12 e 0,08 para peso a idade padrão de 100 e 210 dias, nesta ordem excluindo dados de TE. O emprego das abordagens MOD2 e MOD3 proporcionaram maiores estimativas de herdabilidade em relação a MOD1. A adoção de uma estrutura de (co)variâncias residuais heterogêneas não promoveram diferenças destas estimativas.

Os maiores valores de herdabilidade direta obtidas para MOD2 e MOD3, indicam que a inclusão de animais de transferência possibilitam maiores ganhos genéticos em um programa de melhoramento genético, não somente pelo aumento da variância genética, mas também pelo incremento na acurácia de seleção das fêmeas e animais jovens.

As correlações genéticas entre as duas características em quaisquer das abordagens utilizadas, foram altas e positivas indicando que ganho genético pode ser obtido empregando-se a seleção indireta. Os valores encontrados são de magnitudes semelhantes aos de Dib et al. (2008), que trabalhando com diversos pesos reportaram valores de 0,84-1,00, na raça Simental. Para os efeitos maternos (aditivos e de ambiente permanente) foram altas e positivas, sendo que valores de menor magnitude foram verificados para os efeitos residuais.



VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

Tabela 1 Médias das distribuições posteriores das estimativas de componentes de variância, herdabilidade e correlações genéticas maternas, de ambiente permanente materno e residuais para peso aos 100 e 210 dias em animais da raça Simmental.

		σ_a^2	σ_m^2	σ_{ap}^2	σ_r^2	h_d^2	r_g	r_m	r_{ap}	r_r
M O D 1	P100	62,56 (9,95)	26,58 (6,99)	47,56 (8,29)	362,41 (9,30)	0,12 (0,02)				
	P120	192,54 (29,97)	75,52 (18,04)	83,82 (17,84)	881,21 (23,13)	0,15 (0,02)	0,94 (0,04)	0,93 (0,03)	0,97 (0,03)	0,57 (0,01)
M O D 2	P100	84,77 (8,99)	30,12 (5,89)	41,57 (6,40)	355,60 (6,89)	0,16 (0,02)				
	P120	217,34 (20,57)	79,19 (14,71)	69,97 (17,45)	901,85 (16,33)	0,17 (0,02)	0,83 (0,03)	0,92 (0,05)	0,81 (0,08)	0,63 (0,01)
M O D 3	P100	84,94 (9,15)	31,93 (5,80)	42,69 (7,00)	348,70 ^N (8,75)	0,17 ^N (0,02)				0,58 ^N (0,01)
	P120	211,06 (19,97)	74,98 (15,97)	89,45 (15,39)	358,56 ^{TE} (8,28)	0,16 ^{TE} (0,02)	0,81 (0,03)	0,93 (0,04)	1,00 (0,00)	0,68 ^{TE} (0,01)
					876,59 ^N (19,97)	0,17 ^N (0,02)				
					920,73 ^{TE} (19,27)	0,16 ^{TE} (0,02)				

σ_a^2 = variância aditiva; σ_m^2 = variância materna; σ_{ap}^2 = variância de ambiente permanente materno; σ_r^2 = variância residual; h_d^2 = herdabilidade; r_g = correlação genética; r_m = correlação materna; r_{ap} = correlação ambiente permanente materno; r_r = correlação residual; N=acasalamento natural; TE=transferência de embriões

Conclusões

Os resultados apresentados indicam que a inclusão de animais de TE no processo de avaliação genética podem ser realizados, desde que se utilizem metodologias adequadas.

Literatura citada

- 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. 2010. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignancy/newprograms.html>>.
- VAN KAAM, J.B.C.H.M. **GIBANAL**: Analyzing program for Markov Chain Monte Carlo sequences version 2.3. 1997.
- VAN VLECK, L.D. Alternative animal models with maternal effects and foster dams. **Journal Animal Science**, v.68, p.4026-4038, 1990.