

XI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal  
Santa Maria, RS – 07 e 08 de setembro de 2015

**Modelos com efeitos genéticos não aditivos usando regressão de cumeeira em uma população cruzada Angus X Nelore**

Claudia Damo Bertoli<sup>1</sup>, José Braccini Neto<sup>2</sup>, Concepta McMannus<sup>3</sup>, Gabriel Soares Campos<sup>4</sup>, Mario Luiz Piccoli<sup>5</sup>, Vanerlei Roso<sup>6</sup>

<sup>1</sup> Instituto Federal Catarinense Campus Camboriu IFC-CC e-mail: cdbertoli@ifc-camboriu.edu.br

<sup>2</sup> Universidade Federal do Rio Grande do Sul - UFRGS Departamento de Zootecnia, bolsista CNPq, e-mail: jose.braccini@ufrgs.br

<sup>3</sup> Universidade de Brasília - UnB e-mail: concepta@unb.br

<sup>4</sup> Universidade Federal de Pelotas - UFPel Programa de Pós graduação em Zootecnia, e-mail: gabrielsoarescampos@hotmail.com

<sup>5</sup> GenSys Consultores Associados, e-mail: mariopiccoli@gensys.com.br

<sup>6</sup> GenSys Consultores Associados, e-mail: vanerleirosos@gensys.com.br

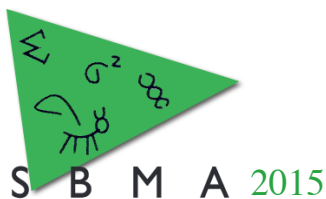
**Resumo:** Os objetivos deste estudo foram estimar os efeitos genéticos fixos e testar diferentes modelos não aditivos usando regressão de cumeeira ("ridge regression"). Efeito aditivo de raça e não aditivos de complementariedade, heterose e perdas epistáticas, tanto diretos quanto maternos, foram estudados em oito diferentes modelos. Foram analisados dados de ganho de peso do nascimento ao desmame (WG) e do desmame ao sobreano (PG), escores fenotípicos de conformação ao desmame (WC) e ao sobreano (PC), de precocidade ao desmame (WP) e ao sobreano (PP), de musculatura ao desmame (WM) e ao sobreano (PM) e perímetro escrotal (SC), oriundos de uma grande população de animais cruzados Angus X Nelore. Os oito modelos testados foram comparados entre si dois a dois pelo teste de razão de verossimilhança. O modelo incluindo todos os efeitos genéticos fixos mostrou-se a melhor opção para analisar esta população cruzada. A colinearidade entre os estimadores foi controlada utilizando parâmetro de cumeeira ao redor de 0,06. O modelo completo apresentou efeitos significativos para todas as características, exceto aditivo direto de raça para WP e WM, complementariedade direta para WP, WM, PP e PM e perdas epistáticas para PG. Concluiu-se que os efeitos genéticos fixos são importantes e que os efeitos direto e materno aditivo de raça e não aditivos de complementariedade, heterose e perdas epistáticas devem ser incluídos no modelo quando animais cruzados são avaliados.

**Palavras-chave:** complementariedade, efeito aditivo de raça, heterose, perdas epistáticas, regressão de cumeeira.

**Modeling non-additive genetic effects using Ridge Regression in an Angus-Nellore crossbred population**

**Abstract:** The objectives of this study were to estimate fixed genetic effects and test different non-additive models using Ridge Regression. Direct and maternal cumulative breed additive effects, as well as breed complementarity, heterosis (dominance) and epistatic loss direct and maternal non-additive effects were studied in eight different models. Records for weaning(WG) and post-weaning gain(PG), phenotypic scores for weaning(WC) and post-weaning(PC) conformation, weaning(WP) and post-weaning(PP) precocity, weaning(WM) and post-weaning(PM) muscling and scrotal circumference(SC) were used from a large crossbred Angus X Nellore population. All models were compared each one using the likelihood ratio test. The model including all fixed genetic effects was the best option to analyze this crossbred population. The collinearity among estimators was controlled using a ridge parameter around 0.06. For the most complete tested model, all effects were statistically significant ( $P < 0.01$ ) for weaning traits, except the direct breed additive effects for WP and WM, direct complementarity effect for WP, WM, PP and PM and maternal epistatic loss for PG. We concluded that the fixed genetic effects are mostly significant thus it is important to include them in the model when evaluating crossbred animals and the model which includes breed additive effects, complementarity, heterosis and epistatic loss was more appropriate and the model with breed additive and heterosis was more parsimonious.

**Keywords:** breed additive genetic effect, complementarity, epistatic loss, heterosis, ridge regression.



## XI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Santa Maria, RS – 07 e 08 de setembro de 2015

### Introdução

A estimação dos efeitos genéticos fixos tem sido tema de vários trabalhos ao redor do mundo, assim como a colinearidade existente entre os estimadores quando estes efeitos são colocados juntos num mesmo modelo. Nas avaliações que envolvem animais cruzados, os estimadores dos efeitos genéticos fixos são todos derivados de uma mesma informação sobre o animal, sua composição racial. Esta situação gera estimadores muito distantes da condição ideal de ortogonalidade. A colinearidade, que é a combinação linear entre duas ou mais variáveis presentes num modelo produz desvios padrões elevados e amplos intervalos de confiança sobre as estimativas (ROSO, 2005). A regressão de cumeieira sem sido apontada como uma alternativa para contornar esta colinearidade sem a necessidade de eliminar termos do modelo.

O principal objetivo deste estudo foi testar diferentes modelos genéticos aditivos e não aditivos com a metodologia da regressão de cumeieira. Este estudo também pretendeu estimar os efeitos genéticos fixos: aditivo de raça direto (**aa**) e materno (**am**), não aditivos de heterose direto (**ha**) e materno (**hm**), de perdas epistáticas diretas (**ea**) e maternas (**em**) e de complementariedade direta (**ca**) e materna (**cm**), envolvendo o cruzamento entre as raças Angus e Nelore.

### Material e Métodos

Aproximadamente 300 mil registros de desmama e 150 mil registros de sobreano, oriundos de animais pertencentes ao programa NATURA de melhoramento genético de bovinos foi utilizado. As mais diversas composições raciais foram representadas nesta amostra, promovendo grande cobertura de possibilidades para a estimação dos efeitos genéticos oriundos dos cruzamentos interraciais.

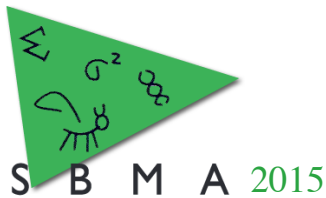
Nove características fenotípicas foram avaliadas: ganho de peso do nascimento ao desmame (WG) e do desmame ao sobreano (PG), escores fenotípicos de conformação ao desmame (WC) e ao sobreano (PC), de precocidade ao desmame (WP) e ao sobreano (PP), de musculatura ao desmame (WM) e ao sobreano (PM) e perímetro escrotal (SC). Como variáveis preditoras dos efeitos genéticos fixos foram utilizados: para efeito aditivo de raça a contribuição genética de genes Nelore do indivíduo e de sua mãe; para efeito de heterose foi utilizada a heterozigose direta e materna; para efeito de perdas epistáticas foi utilizada a epistazigose, proposta por FRIES (2000) e para efeito de complementariedade foi utilizado o estimador proposto por Kinghorn (1993).

Oito diferentes modelos foram utilizados. Todos os modelos incluíram efeito fixo de grupo contemporâneo e efeitos aleatórios de animal, materno e ambiente permanente. Além destes efeitos os modelos incluíram: modelo **A** - efeito aditivo direto e materno de raça; modelo **AH** - efeito aditivo direto e materno de raça e efeito não aditivo direto e materno de heterose; modelo **AE** - efeito aditivo direto e materno de raça e efeito não aditivo direto e materno de perdas epistáticas; modelo **AC** - efeito aditivo direto e materno de raça e efeito não aditivo direto e materno de complementariedade; modelo **AHE** - efeito aditivo direto e materno de raça e efeitos não aditivos direto e materno de heterose e direto e materno de perdas epistáticas; modelo **AHC** - efeito aditivo direto e materno de raça e efeitos não aditivos direto e materno de heterose e direto e materno de complementariedade; modelo **AEC** - efeito aditivo direto e materno de raça e efeitos não aditivos direto e materno de perdas epistáticas e direto e materno de complementariedade; e modelo **AHEC** - efeito aditivo direto e materno de raça e efeitos não aditivos direto e materno de heterose, direto e materno de perdas epistáticas e direto e materno de complementariedade.

Os modelos descritos acima foram analisados usando regressão de cumeieira em análise bicaracterística, com as seguintes combinações: WG-PG, WC-PC, WP-PP, WM-PM e WG-SC. Os dados foram pré-ajustados para efeitos fixos de idade do animal, idade da vaca e data juliana de nascimento. A determinação do parâmetro de cumeieira foi adaptado do método apresentado por Roso et al. (2005) e a comparação dos diferentes modelos foi feita pelo teste de razão de verossimilhança conforme descrito por Regazzi et al. (2004)

### Resultados e Discussão

De todas as 198 comparações feitas entre os 8 modelos e as 9 características, 91,4% apresentaram alta significância estatística ( $P < 0.001$ ). Todos os contratos envolvendo o modelo **AHEC** mostraram



## XI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Santa Maria, RS – 07 e 08 de setembro de 2015

significância, mostrando que a inclusão dos quatro efeitos genéticos fixos no modelo é importante na avaliação destes efeitos nesta população cruzada. Carvalho et al. (2006) também encontrou indícios da importância da inclusão destes efeitos nas avaliações genéticas multirraciais. Já os contrastes envolvendo o modelo **AH** e os modelos com três dos quatro efeitos genéticos fixos foram, na sua maioria, não significantes estatisticamente, mostrando que, quando o modelo completo não pode ser utilizado, o modelo incluindo apenas o efeito aditivo de raça e o efeito não aditivo de heterose pode perfeitamente ser utilizado sem grandes perdas. Os efeitos de **aa**, **am**, **ha** e **hm** variaram muito pouco entre as estimativas obtidas pelo modelo **AH** ou **AHEC** e os desvios padrões apresentam magnitudes inferiores no modelo **AH**, corroborando a possibilidade de uso deste modelo mais simples quando a quantidade e a estrutura dos dados assim o exige.

Para SC, apenas **aa** e **am** foram significativos para todos os modelos testados. Cardoso et al. (2008) apresentou valores semelhantes para **aa** e **ea**. Os efeitos **aa** e **am** foram negativos para a grande maioria das características e dos modelos testados, exceto para o modelo **AE** e a característica de PG. O efeito **ha** foi positivo e significativo para todos os modelos testados e para todas as características, exceto para SC. Carvalho et al. (2006) também encontrou valores positivos de heterose, mas de magnitude muito superior. O efeito **hm** foi negativo para PG em todos os modelos testados. A variação dos valores de **ha** e **hm** entre os diferentes modelos apresentou pouca variação. Os efeitos de **ea** e **em** foi negativo em grande parte dos modelos e características testadas, o que era esperado, já que estamos falando exatamente de perdas epistáticas. Estranhamente, Cardoso et al. (2008) encontrou valores positivos de **ea** para características de desmama e Carvalho et al. (2006) não encontrou significância estatística nem para **ea** nem para **em** com a característica de WG. Os efeitos de **ca** e **cm** foram positivas para WG e **ca** foi positiva e **cm** negativa para PG.

### Conclusões

Os efeitos genéticos fixos são, na sua maioria, significativos e, portanto, devem ser incluídos nos modelos de avaliação genética de populações cruzadas. Entre os modelos testados dois mostraram-se mais adequados para avaliação de populações cruzadas: modelo **AHEC** e modelo **AH**. O modelo **AHEC** inclui todos os efeitos genéticos fixos e mostrou-se capaz de estimar satisfatoriamente a maioria dos efeitos. O modelo **AH** mostrou-se o modelo mais parcimonioso, a ser utilizado quando a estrutura ou o volume dos dados não permita o uso do modelo completo.

### Agradecimentos

Nossos mais profundos agradecimentos ao Programa NATURA de Melhoramento Genético e à empresa GenSys Consultores Associados pela imensa colaboração e suporte.

### Literatura citada

- Cardoso, V., Queiroz, S.A. and Fries, L.A. 2008. Estimativas de efeitos genotípicos sobre os desempenhos pré e pós-desmama de populações Hereford × Nelore. *Revista Brasileira Zootecnia* 37, 1763–1773.
- Carvalho, R., Pimentel, E.C.G., Cardoso, V., Queiroz, S.A. and Fries, L.A. 2006 Genetic effects on preweaning weight gain of Nelore-Hereford calves according to different models and estimation methods. *Journal of Animal Science*, 84, 2925–2933.
- Fries, L.A., Schenkel, F.S., Roso, V.M., Brito, F.V., Severo, J.L.P., and Piccoli, M.L. 2002. “EPISTAZYGOSITY” AND EPISTATIC EFFECTS. In: *World Congress on Genetics Applied to Livestock Production 7, Proceedings... August 19-23, Montpellier, 2002*.
- Kinghorn, B.P., “Design of Livestock Breeding Programs” *AGBU-UNE*, pp. 187-203, 1993.
- Regazzi, A.J.; Henrique, C. and Silva, O. 2004. Teste para verificar a igualdade de parâmetros e a identidade de modelos de regressão não-linear . I . Dados no delineamento inteiramente casualizado. *Revista de Matemática e Estatística*, v. 22, n. 2004, p. 33–45.
- Roso, V.M., Schenkel, F.S., Miller, S.P., and Schaeffer, L.R. 2005. Estimation of genetic effects in the presence of multicollinearity in multibreed beef cattle evaluation. *Journal of Animal Science* 83, 1788–1800.