

Estimativas de parâmetros genéticos em bovinos da raça Simental utilizando modelos multicaracterísticos e de regressão aleatória

Rodrigo Reis Mota¹, Paulo Sávio Lopes², Luiz Fernando Aarão Marques³, Robledo de Almeida Torres², Luciano Pinheiro da Silva⁴

¹Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento – UFV/Viçosa. Bolsista da CAPES. e-mail: rreismota@hotmail.com

²Departamento de Zootecnia - UFV/Viçosa. Bolsista do CNPq/ INCT Ciência Animal.

³Departamento de Zootecnia - Centro de Ciências Agrárias – CCA/UFES/ Alegre-ES.

⁴Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento – UFV/Viçosa. Bolsista do CNPq.

Resumo: Foram utilizados 29.510 registros provenientes de 10.659 animais da raça Simental, cedidos pela Associação Brasileira de Criadores das Raças Simental e Simbrasil (ABCRSS), com o objetivo de comparar os parâmetros genéticos para pesos aos 100, 205, 365, 450, 550 e 730 dias de idade, usando modelos multicaracterísticos (MMC) e de regressão aleatória (MRA). Os parâmetros genéticos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML). As herdabilidades diretas de MMC foram ligeiramente inferiores às de MRA e variaram, respectivamente, de 0,04 a 0,42 e 0,16 a 0,45. Diante dos resultados encontrados, e pelo fato de os MRA não requererem o pré-ajustamento dos pesos às idades padrão, estes podem ser considerados como uma alternativa na avaliação genética de bovinos da raça Simental no Brasil.

Palavras-chave: herdabilidade, peso corporal

Genetic parameters estimation using multi-trait and random regression models in Simmental beef cattle

Abstract: 29,510 records from 10,659 Simmental beef cattle provided by the Associação Brasileira dos Criadores das Raças Simental e Simbrasil (ABCRSS) were used to compare estimates of genetic parameters for weights at 100, 205, 365, 450, 550 and 730 days old, using multi-trait models (MTM) and random regression models (RRM). The genetic parameters were estimated by restrict maximum likelihood (REML). Direct heritabilities of MTM were slightly lower than RRM and varied, respectively, from 0.04 to 0.42 and 0.16 to 0.45. Given the results, and that the pre-adjustment to standard ages is not required by RRM, RRM can be considered as alternative for genetic evaluation of Simmental beef cattle in Brazil.

Keywords: body weight, heritability

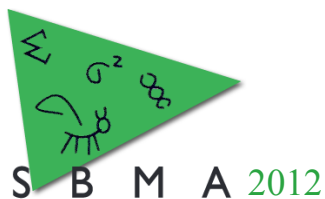
Introdução

A estimação de parâmetros genéticos em bovinos de corte tem sido realizada, rotineiramente, sob a metodologia de modelos mistos e, utilizando-se modelos multicaracterísticos (MMC) que avaliam os animais em diferentes idades pontuais. Com isso, na maior parte dos casos, os registros de pesos são feitos em intervalos específicos e pré-ajustados para idades fixas. Alternativamente aos MMC, os modelos de regressão aleatória (MRA) permitem o uso de todos os registros disponíveis e, portanto, o pré-ajustamento dos pesos às idades padrão não é necessário.

Uma forma de avaliar a qualidade dos parâmetros dos MRA é a comparação de suas estimativas com aquelas obtidas dos MMC. Apesar das estimativas dos MMC poderem ser tendenciosas ou menos acuradas em relação ao modelo subjacente, devido à pré-ajustamentos às idades padrão, estas tendem a ter menor propensão de serem afetadas por condições extremas de trajetórias.

Tendo em vista o fato supracitado, o presente estudo teve como objetivos comparar estimativas de parâmetros genéticos para pesos aos 100, 205, 365, 450, 550 e 730 dias de idade em bovinos da raça Simental, usando modelos multicaracterísticos e de regressão aleatória.

Material e métodos



IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

O banco de dados analisado refere-se a 29.510 registros de 10.659 bovinos da raça Simental, cedidos pela Associação Brasileira de Criadores das Raças Simental e Simbrasil (ABCRSS).

A estimação dos parâmetros genéticos tanto para MMC quanto MRA, foram realizadas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e obtidos pela utilização do programa WOMBAT (Meyer, 2007).

O modelo multicaracterístico utilizado continha o efeito fixo de grupo de contemporâneos; a covariável, classes de idade da vaca ao parto em dias; os efeitos aleatórios, genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e residual, e pode ser descrito, matricialmente, da seguinte forma:

$$y = X\beta + Z_1d + Z_2m + Z_3mp + e$$

em que:

y = vetor de observações;

X, Z₁, Z₂ e Z₃ = matrizes de incidência dos efeitos fixos e dos efeitos aleatórios, genético aditivo direto, genético aditivo materno e de ambiente permanente materno, respectivamente;

β = vetor de efeitos fixos;

d = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos;

m = vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos maternos;

mp = vetor de efeitos aleatórios de ambiente permanente materno;

e = vetor de efeitos aleatórios residuais.

O modelo de regressão aleatória foi ajustado para os efeitos aleatórios, genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e ambiente permanente direto e na forma matricial, com suas respectivas pressuposições, pode ser descrito como:

$$y = X\beta + \Phi_1d + \Phi_2m + \Phi_3mp + \Phi_4p + e$$

em que:

y = vetor de observações;

X, Φ_d, Φ_m, Φ_{mp} e Φ_p = matrizes de incidência para os coeficientes polinomiais dos efeitos fixos, e dos efeitos aleatórios genético aditivo direto, genético aditivo materno, ambiente permanente materno e ambiente permanente direto, respectivamente;

β = vetor de efeitos fixos que contém os coeficientes β_m da regressão fixa;

d = vetor de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos diretos;

m = vetor de coeficientes de regressão aleatória genéticos aditivos maternos;

mp = vetor de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente materno;

p = vetor de coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente direto;

e = vetor de efeitos aleatórios residuais.

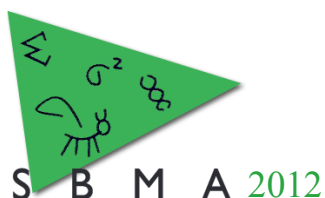
Resultados e discussão

As herdabilidades diretas (h²_d) foram semelhantes em tendência, para pesos aos 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450), 550 (P550) e 730 (P730) dias de idade, contudo, e em geral, as estimativas de herdabilidade obtidas por MRA para peso à idade adulta são maiores em relação às estimativas obtidas por MMC (Tabela 1). Nos MMC, as estimativas foram semelhantes às encontradas por Marques et al. (2000) e nos MRA, as herdabilidades encontradas foram, em geral, superiores às reportadas por Krejcová et al. (2007) em bovinos da raça Simental.

Os valores de herdabilidades maternas (h²_m) foram de baixa magnitude e tiveram de maneira geral, mesmo comportamento, crescendo até à desmama, com uma pequena queda aos 365 dias e, depois, nova ascendência, até à idade adulta (Tabela 1). As estimativas de variância de ambiente permanente materno (mp²), como proporção da variância fenotípica, foram, em geral, similares nos dois modelos (Tabela 1).

Com relação à variância residual composta (ec²), como proporção da variância fenotípica, os resultados obtidos por MMC foram superiores aos de MRA, em toda a trajetória de crescimento dos animais (Tabela 1), o que pode ser indicativo de qualidade superior de ajuste para os MRA, em relação aos MMC.

Tabela 1 Estimativas de herdabilidade direta (h²_d) e materna (h²_m) e proporção da variância de ambiente



IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

permanente materno (mp^2) e residual (ec^2), em relação à variância fenotípica total, obtidas para os modelos MMC e MRA (entre parênteses), para os pesos aos 100 (P100), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450), 550 (P550) e 730 (P730) dias de idade.

Pesos	h_d^{2*}	h_m^{2*}	mp^{2*}	ec^{2*}
P100	0,04 (0,16)	0,01 (0,08)	0,09 (0,01)	0,86 (0,75)
P205	0,11 (0,14)	0,01 (0,11)	0,08 (0,06)	0,80 (0,69)
P365	0,20 (0,36)	0,00 (0,09)	0,08 (0,08)	0,72 (0,47)
P450	0,27 (0,42)	0,01 (0,08)	0,10 (0,09)	0,62 (0,41)
P550	0,31 (0,46)	0,00 (0,09)	0,08 (0,09)	0,61 (0,36)
P730	0,42 (0,45)	0,03 (0,12)	0,06 (0,10)	0,49 (0,33)

Diante da proximidade dos valores encontrados em ambos os modelos (MMC e MRA), o uso dos modelos de regressão aleatória nas avaliações genéticas dos programas de melhoramento de bovinos da raça Simental pode ser uma alternativa aos modelos multicaracterísticos. Todavia estudos mais detalhados e resultados mais contundentes são necessários para confirmar a viabilidade do uso deste modelo.

Conclusões

Os modelos de regressão aleatória (MRA) podem ser uma alternativa nas avaliações genéticas de bovinos da raça Simental, em razão da possibilidade de implementação e de não requerimento do pré-ajustamento, às idades padrão.

Resultados mais contundentes são necessários para viabilizar a utilização destes modelos nas avaliações genéticas da raça Simental.

Agradecimentos

Ao CNPq, CAPES e FAPEMIG pelo apoio financeiro. À Associação Brasileira de Criadores das Raças Simental e Simbrasil (ABCRSS) pela disponibilização do banco de dados.

Literatura Citada

- KREJCOVÁ, H.; MIELENZ N.; PRIBYL J. et al. Estimation of Genetic Parameters for Daily Gains of Bulls with Multi-Trait and Random Regression Models. **Archiv Tierzucht**, v.50, p.37-46, 2007.
- MARQUES, L.F.A.; PEREIRA, J.C.C.; OLIVEIRA, H.N. et al. Análise de característica de crescimento da raça Simental. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.52, p. 527-533, 2000.
- MEYER, K. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by REML. **Journal Zhejiang University SCIENCE B**, v.8, p.815–821, 2007.