

MODELOS PARA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E REPRODUTIVAS NA RAÇA NELORE

**GABRIEL SOARES CAMPOS¹; VIVIANE VASCONCELOS DE LACERDA²;
DANIEL DUARTE DA SILVEIRA³; FABIO RICARDO PABLOS DE SOUZA⁴;
ARIONE AUGUSTI BOLIGON⁵**

¹*Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Pelotas - gabrielsoarescampos@hotmail.com*

²*Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Pelotas - vivianelacerda88@hotmail.com*

³*Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Pelotas - silveira1302@gmail.com*

⁴*Departamento de Ecologia, Zoologia e Genética, Universidade Federal de Pelotas - fabiopablos@hotmail.com*

⁵*Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Pelotas - arioneboligon@yahoo.com.br*

1. INTRODUÇÃO

Características reprodutivas são as mais importantes economicamente em sistemas de bovinocultura pastoril. No entanto, no Brasil, a incorporação dessas características em programas de melhoramento animal tem sido lenta, principalmente por apresentarem baixa herdabilidade, dificuldade de mensuração e, no caso de caracteres selecionados por meio das fêmeas, verifica-se grande intervalo de gerações para se obter resposta à seleção (SHIOTSUKU et al., 2009). O conhecimento das estimativas de associações genéticas entre esses caracteres é de fundamental importância para a construção de índices de seleção.

Vários pesquisadores têm sugerido para medidas consideradas importantes economicamente, o uso de análises multi-características na estimação de parâmetros genéticos. No entanto, o aumento do número de características nas análises de modo a obter maior detalhamento dos dados e/ou para reduzir o viés de seleção irá implicar no emprego de modelos complexos que contêm um excessivo número de parâmetros, o que pode limitar o uso de todas as características combinadas (BOLIGON et al., 2013).

O presente estudo foi desenvolvido com o objetivo de se comparar modelos multi-características padrão e de componentes principais, quanto à habilidade de estimação de parâmetros e predição de valores genéticos, de características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore.

2. METODOLOGIA

Os dados utilizados foram cedidos por uma agropecuária que se dedica a bovinocultura de corte, incluindo as seguintes características: peso à desmama (PD) e ao sobreano (PS), altura na garupa à desmama (AD) e ao sobreano (AS), ganho em peso da desmama ao sobreano (GDS), perímetro escrotal (PE) e idade ao primeiro parto (IPP).

Os grupos contemporâneos (GC) para PD e AD foram constituídos por rebanho, ano e estação de nascimento, grupo de manejo ao nascimento e à desmama e sexo. Para PS, GDS e AS foram acrescentados o grupo de manejo ao sobreano. Para PE e IPP, o GC foi formado por rebanho, ano e estação de nascimento, grupo de manejo ao nascimento, desmama e sobreano. Além disso,

para IPP também foi considerado o tipo de serviço. Para todas as características, foram excluídos registros fora dos intervalos dados pela média do GC mais ou menos três desvios-padrão e GC com menos de 4 observações. A estrutura geral do arquivo de dados se encontra na tabela 1.

Tabela 1 - Número de observações (N), médias e respectivos desvios-padrão (DP), número de vacas (No. vacas), touros (No. touros) e grupos de contemporâneos (GC).

Características ¹	N	Médias \pm DP	No. vacas	No. touros	GC
PD	74.388	172,92 \pm 26,12	28.502	1.441	1.242
PS	47.591	268,14 \pm 39,43	22.002	1.390	1.563
AD	13.729	117,35 \pm 4,39	9.744	1.165	199
AS	13.667	133,04 \pm 5,47	8.554	1.185	339
GDS	47.299	95,34 \pm 30,27	21.957	1.390	1.555
PE	17.833	26,11 \pm 3,10	12.044	1.347	621
IPP	25.554	1.056,68 \pm 87,72	17.282	1.379	1.970

¹PD = peso à desmama; PS = peso ao sobreano; AD = altura na garupa à desmama; AS = altura na garupa ao sobreano; GDS = ganho em peso da desmama ao sobreano; PE = perímetro escrotal; IPP = idade ao primeiro parto.

Foram realizadas seis análises pelo o método da máxima verossimilhança restrita sob um modelo animal, considerando-se as sete características simultaneamente, empregando o programa WOMBAT (MEYER, 2006). Primeiramente, utilizou-se um modelo multi-características padrão (MC). Posteriormente, foram avaliados cinco modelos de posto reduzido para a matriz de covariâncias genético-aditivas, ajustando os primeiros 1 (CP1), 2 (CP2), 3 (CP3), 4 (CP4) e 5 (CP5) componentes principais.

Foram incluídos, em todos os modelos, os efeitos aleatórios genético aditivo direto e residual, bem como os efeitos fixos do GC. Além desses, para PD e AD, também foram considerados, como aleatórios, os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno. Como covariáveis foram considerados os efeitos linear e quadrático da idade do animal à pesagem (exceto para IPP e GDS) e idade da mãe ao parto. Para a característica GDS foi incluída a covariável número de dias da desmama ao sobreano. Os modelos foram comparados considerando o logaritmo do máximo da função de verossimilhança (log L) e o critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC) (SCHWARZ, 1978).

Para comparar os valores genéticos preditos com o modelo multi-características padrão e o melhor modelo de posto reduzido, foram computados os graus de coincidência entre os valores genéticos preditos dos touros para todas as características estudadas.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os critérios AIC e BIC, indicaram que o melhor ajuste para descrever a estrutura de covariâncias genética entre as cinco características de crescimento e as duas reprodutivas, entre os modelos de CP, foi obtido quando se utilizou três componentes (CP3).

As correlações genéticas estimadas entre as características produtivas e reprodutivas em ambos os modelos (MC e CP3) foram muito próximas (Tabela 2). Entretanto, entre a maioria das características, com a utilização do modelo CP3 foram estimadas correlações genéticas levemente superiores em relação às obtidas com o modelo MC. As correlações genéticas estimadas entre as

características produtivas com PE e IPP indicam que a seleção para maior crescimento poderá resultar em melhorias no desempenho reprodutivo de machos e fêmeas (Tabela 2). De modo semelhante, a seleção de reprodutores para maior perímetro escrotal deve levar, por resposta correlacionada, em diminuição da idade ao primeiro parto de sua progênie. Os valores das correlações obtidas no presente estudo são semelhantes aos encontrados na literatura para a raça Nelore (FRIZZAS et al., 2009; YOKOO et al., 2012).

Tabela 2 - Estimativas de correlações genéticas e respectivos erros padrão (em parêntesis) obtidas em análise multi-características padrão (acima da diagonal) e ajustando-se três componentes principais (abaixo da diagonal).

	PD	PS	AD	AS	GDS	PE	IPP
PD	-	0,76 (± 0,01)	0,60 (± 0,01)	0,56 (± 0,02)	0,59 (± 0,01)	0,37 (± 0,01)	-0,18 (± 0,01)
PS	0,77 (± 0,01)	-	0,58 (± 0,02)	0,62 (± 0,01)	0,64 (± 0,02)	0,34 (± 0,01)	-0,22 (± 0,02)
AD	0,62 (± 0,01)	0,60 (± 0,01)	-	0,83 (± 0,01)	0,53 (± 0,01)	0,21 (± 0,01)	-0,15 (± 0,01)
AS	0,58 (±0,02)	0,62 (±0,01)	0,84 (±0,01)	-	0,55 (± 0,03)	0,15 (± 0,03)	-0,19 (± 0,03)
GDS	0,60 (±0,02)	0,65 (±0,02)	0,54 (±0,01)	0,55 (±0,02)	-	0,33 (±0,01)	-0,25 (± 0,03)
PE	0,38 (±0,02)	0,35 (±0,01)	0,23 (±0,01)	0,16 (±0,02)	0,34 (± 0,01)	-	-0,31 (± 0,04)
IPP	-0,19 (±0,02)	-0,25 (±0,02)	-0,16 (±0,01)	-0,20 (±0,02)	-0,25 (± 0,02)	-0,33 (± 0,03)	-

PD = peso à desmama; PS = peso ao sobreano; AD = altura na garupa à desmama; AS = altura na garupa ao sobreano; GDS = ganho em peso da desmama ao sobreano; PE = perímetro escrotal; IPP = idade ao primeiro parto.

As correlações de ordem entre os valores genéticos preditos com os modelos MC e CP3 para as diferentes características foram altas, variando de 0,93 a 0,99, indicando que a utilização do modelo CP3 levaria à seleção de praticamente os mesmos reprodutores em relação ao modelo MC. Utilizando uma intensidade de seleção maior, quando 2 e 10% dos melhores touros foram selecionados com base no modelo MC, os graus de coincidência em relação aos selecionados pelo modelo CP3, variaram de 86% a 97%. Portanto, mudanças na definição do modelo de análise, utilizando o modelo MC ou CP3, devem ser responsáveis por pequenas diferenças na classificação dos reprodutores.

4. CONCLUSÕES

O modelo ajustando três componentes principais proporcionou correlações genéticas levemente superiores entre as características de crescimento e reprodutivas, quando comparadas às obtidas com o modelo multi-características padrão.

Não são esperadas mudanças importantes na classificação dos reprodutores baseada em valores genéticos preditos para as diferentes características com a utilização de ambos os modelos (multi-características padrão e ajustando três componentes principais).

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BOLIGON, A.A.; BIGNARDI, A.B.; MERCADANTE, M.E.Z.; LOBO, R.B.; ALBUQUERQUE, L.G. Principal components and factor analytic models for birth to mature weights in Nellore cattle. **Livestock Science**, v.152, n.1-2, p.135-142, 2013.

FRIZZAS, O.G.; GROSSI, D.A.; BUZANSKAS, E.M.; PAZ, C.C.P.; BEZERRA, L.A.F.; LOBO, R.B.; OLIVEIRA, J.A.; MUNARI, D.P. Heritability estimates and genetic correlations for body weight and scrotal circumference adjusted to 12 and 18 months of age for male Nellore cattle. **Animal**, v.3, p.347-351, 2009.

MEYER, K. 2006. "WOMBAT" - Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. Proc. 8th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Belo Horizonte, Brazil, CD-ROM.

SCHWARZ G. Estimating the dimension of a model. **Annals of Statistics**, v.6, p.461-464, 1978.

SHIOTSUKI, L.; SILVA, J. A. II V.; ALBUQUERQUE, L. G. Associação genética da prenhez aos 16 meses com o peso a desmama e o ganho de peso em animais da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n.7, p.1211-1217, 2009.

YOKOO, M.J.I.; MAGNABOSCO, C.U.; ROSA, G.J.M.; LÔBO, R.B.; ALBUQUERQUE, L.G. Características reprodutivas e suas associações com outras características de importância econômica na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.64, n.1, p.91-100, 2012.