

## **INFLUÊNCIA DA ESTRUTURA DOS EFEITOS FIXOS SOBRE A AVALIAÇÃO GENÉTICA DO PESO AO DESMAME DE BOVINOS DE CORTE<sup>1</sup>**

### **AUTORES**

**FÁBIO LUIZ BURANELO TORAL<sup>2</sup>, MAURÍCIO MELLO DE ALENCAR<sup>3</sup>, ALFREDO RIBEIRO DE FREITAS<sup>3</sup>**

<sup>1</sup> Parte da Dissertação de Mestrado do primeiro autor. Projeto financiado pela FAPESP

<sup>2</sup> Estudante de Mestrado da UNESP – Jaboticabal, Programa de Pós Graduação em Zootecnia (Genética e Melhoramento Animal), bolsista da FAPESP, fbtoral@hotmail.com

<sup>3</sup> Pesquisador da Embrapa Pecuária Sudeste, Caixa Postal 339, São Carlos, SP, CEP 13560-970, bolsista do CNPq, mauricio@cnpse.embrapa.br, ribeiro@cnpse.embrapa.br

### **RESUMO**

O objetivo foi analisar a influência da estrutura dos efeitos fixos (EEF) sobre a avaliação genética do peso ao desmame (PD) de bovinos da raça Canchim. Dados de 5.614 animais, nascidos de 1954 a 2000 foram analisados por meio de um modelo animal completo, considerando-se diferentes formas de agrupamento dos efeitos fixos, com e sem interação entre eles. Os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foram estimados pelo método REML e os valores genéticos foram preditos pelo BLUP. Houve efeito significativo da EEF sobre a média dos valores genéticos diretos e maternos de bezerras, touros (efeito significativo apenas para o valor genético materno) e matrizes, indicando que o uso inadequado dessas estruturas pode reduzir o progresso genético e, conseqüentemente, a eficiência da seleção. Dentre as estruturas testadas (seis estruturas considerando ou não interação entre os efeitos de ano, época ou mês de nascimento e sexo do bezerro), a considerada mais adequada (E3) levou em consideração a interação entre ano e mês de nascimento e o sexo do bezerro como efeito principal e foi responsável pelas menores médias associadas aos erros de predição dos valores genéticos diretos e maternos, além de ter um dos menores valores para o componente de variância residual. As maiores médias para a acurácia dos valores genéticos maternos também foram associadas a E3, sugerindo ser esta estrutura a mais adequada para a realização da avaliação genética do PD do rebanho estudado.

### **PALAVRAS-CHAVE**

Acurácia, Erro de Predição, Grupo de Contemporâneos, Progresso Genético, Seleção

### **TITLE**

THE INFLUENCE OF FIXED EFFECTS STRUCTURE ON GENETIC EVALUATION OF WEANING WEIGHT IN BEEF CATTLE

### **ABSTRACT**

The objective of this work was to study the importance of fixed effects structure (FES) on genetic evaluation of weaning weight (WW) of Canchim cattle. Weaning weight of 5,614 animals born from 1954 to 2000 were studied by a full animal model, using different fixed effects grouping, with or without interaction among them. (Co)variance components and genetic parameters were estimated by REML and breeding values were predicted by BLUP. There was significant effect of FES on mean of direct and maternal breeding values of calves, bulls (significant effect only for mean of maternal breeding values) and dams, showing that improper use of FES can decrease genetic progress and efficiency of selection. Among the FES studied (six structures with or without interaction among year, season or month of birth and sex of calf), the best structure (E3) included the effect of interaction between year and month of birth and sex of calves as main effect, and showed smallest mean of predicted error of direct and maternal breeding values, and one of the smallest residual variance. The highest means of maternal breeding values accuracy was for E3 showing that this structure was more appropriate for genetic evaluation of WW in the studied herd.

## **KEYWORDS**

Accuracy, Contemporary Groups, Genetic Progress, Predicted Error, Selection

## **INTRODUÇÃO**

A avaliação genética no melhoramento animal tem o objetivo de identificar os indivíduos portadores de genes desejáveis para determinada característica, de forma que, quando usados na reprodução, possam transmitir esses genes para as gerações futuras. Para que os indivíduos geneticamente superiores sejam identificados, é necessário que as diferenças observadas entre animais expressem com confiabilidade diferenças genéticas existentes. Para isso, é necessário que os animais sejam comparados em condições semelhantes de manejo. Como é difícil ou impossível oferecer essas condições a todos os animais, mesmo dentro de uma fazenda, é importante identificar com exatidão os grupos de contemporâneos (GC). Segundo VAN VLECK, 1987 os GC têm características tanto de efeitos fixos quanto de aleatórios, entretanto, pode ser mais vantajoso considerá-los como fixos nas equações de modelos mistos, de modo que as soluções para os valores genéticos não incluam esses efeitos.

Com a inclusão de muitos efeitos na formação de GC, pode-se obter grande número de GC com poucos indivíduos e geneticamente desconectados. Por este motivo, muitas vezes se opta pela análise dos efeitos principais separadamente (ano e mês de nascimento, sexo, etc). A consequência disto é a não consideração das interações entre os efeitos principais, visando ao aumento do número de observações dentro de cada classe de efeitos fixos e, com isso, o aumento da precisão da estimação desses efeitos. O objetivo deste trabalho foi analisar a influência da estrutura dos efeitos fixos sobre os componentes de (co)variância, parâmetros e valores genéticos, acurácia e erro de predição do valor genético do peso ao desmame de bovinos da raça Canchim.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

Foram analisados dados do peso ao desmame (PD) de bovinos da raça Canchim, nascidos entre os anos de 1954 e 2000, pertencentes à Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP. Foram utilizados para análises apenas os dados de animais alimentados exclusivamente em pastagens. Maiores informações sobre as condições de manejo e alimentação dos animais podem ser obtidas em SILVA et al., 2000.

O PD foi analisado por meio de um modelo animal contendo os efeitos aleatórios genéticos aditivos direto e materno, de ambiente materno permanente (não correlacionado) e residual. Os efeitos fixos foram considerados sob duas formas: como efeitos principais (EP) e/ou como grupos de contemporâneos (GC), nas seguintes combinações (os números entre parênteses indicam o número de classes de cada efeito):

Estrutura 1 (E1): EP de ano (46), mês de nascimento (12) e sexo do bezerro (2);

Estrutura 2 (E2): EP de ano, trimestre de nascimento (4) e sexo do bezerro;

Estrutura 3 (E3): GC de ano e mês de nascimento (250) e EP de sexo do bezerro;

Estrutura 4 (E4): GC de ano e trimestre de nascimento (124) e EP de sexo do bezerro;

Estrutura 5 (E5): GC de ano, mês de nascimento e sexo do bezerro (435); e

Estrutura 6 (E6): GC de ano, trimestre de nascimento e sexo do bezerro (238).

As idades, em dias, da vaca ao parto e do bezerro ao desmame foram consideradas como covariáveis linear e quadrática e linear, respectivamente, em todas as situações. O arquivo continha vacas que pariram dos 755 aos 6.674 dias de idade (média de 2.419) e bezerras desmamadas entre 180 e 300 dias de idade (média de 240). Foi utilizado um mesmo arquivo genealógico em todas as análises, contendo 10.492 animais.

Os componentes de (co)variância e demais parâmetros genéticos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita e os valores genéticos foram obtidos por meio do melhor preditor linear não viesado, utilizando-se o MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995). Previamente a esta, os dados foram submetidos a uma análise de conectividade e os dados dos animais de GC desconectados foram excluídos do arquivo analisado. No caso de E1 e E2, deveria existir conectividade genética entre os anos de nascimento e, nos demais casos, entre os GC. A conectividade foi verificada com a utilização do programa MILC (FRIES e ROSO, 1997).

Os valores genéticos, acurácias e erros de predição dos valores genéticos dos bezerras (animais que não se

tornaram pais em gerações seguintes), touros e matrizes foram submetidos à análise de variância e ao teste de Tukey para verificar a existência de efeito significativo da estrutura dos efeitos fixos sobre esses valores e para a comparação das médias.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os componentes de (co)variância e demais parâmetros genéticos para o peso ao desmame, em função da estrutura dos efeitos fixos, constam da Tabela 1. Observou-se redução da variância total (VT) com a utilização de estruturas considerando as interações (GC), provavelmente em consequência do menor número de observações. As variâncias genéticas aditivas direta (VAD) e materna (VAM) foram pouco influenciadas pela estrutura dos efeitos fixos, exceto no caso da estrutura E2 (EP – ano, trimestre de nascimento e sexo do bezerro), em que observou-se maior VAD e VT e menor covariância entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno, resultando em menor correlação genética entre os efeitos aditivos direto e materno. Esta exceção pode ser explicada, em parte, pelo fato desta estrutura (E2) ser a que controla menos efeitos, já que ela não considera interações e o efeito do mês, que pode ser significativo mesmo dentro do trimestre de nascimento, representando um modelo de ajuste deficiente.

Os valores estimados para os parâmetros genéticos e fenotípicos estão dentro do intervalo encontrado na literatura para o peso ao desmame de bovinos da raça Canchim (ALENCAR et al., 1998; MELLO et al., 2002), e indicam que este peso pode ser alterado pela seleção. Todavia, é necessário tomar cuidados com a correlação genética desfavorável com o efeito materno, a qual indica que a seleção para maior peso ao desmame pode provocar diminuição da habilidade materna.

Na Tabela 2 são apresentados os números de observações, de touros e de matrizes avaliados, e as médias dos valores genéticos, das acurácias e dos erros de predição dos valores genéticos para os efeitos genéticos aditivos direto e materno, em função da estrutura dos efeitos fixos. Houve efeito significativo da estrutura dos efeitos fixos sobre a média dos valores genéticos diretos e maternos de bezerras, touros (efeito significativo apenas para o valor genético materno) e matrizes, indicando que se for utilizada estrutura inadequada, pode ocorrer alteração do progresso genético do rebanho e, assim, diminuir a eficiência da seleção.

A estrutura E3 (GC – ano e mês de nascimento e EP – sexo) foi a que proporcionou menores médias dos erros de predição dos valores genéticos diretos e maternos, além de ter um dos menores valores para o componente de variância residual (Tabela 1), sugerindo que esta estrutura representa adequadamente os efeitos fixos. A estrutura E2 (EP – ano, época de nascimento e sexo) foi a que apresentou as maiores médias dos erros de predição dos valores genéticos diretos e maternos, além de ter um dos maiores valores para o componente de VR (Tabela 1), indicando que esta pode não ser a estrutura mais adequada para a avaliação genética desses animais. As maiores médias para a acurácia estiveram associadas às estruturas E2 (efeito materno) e E3 (efeito direto).

Segundo TOSH e WILTON, 1994 a acurácia tem relação positiva com o número de touros e de GC, enquanto o erro de predição tem relação negativa, confirmando, em parte, os resultados deste trabalho.

## CONCLUSÕES

A utilização da estrutura de efeitos fixos que considera a interação entre o ano e o mês de nascimento e o sexo do bezerro como efeito principal, proporcionou redução nos valores da variância residual e do erro de predição dos valores genéticos do peso ao desmame de bovinos da raça Canchim, sugerindo ser esta a estrutura mais adequada para a avaliação genética do rebanho estudado.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. ALENCAR, M.M.; TREMATORE, R.L.; BARBOSA, P.F. et al. Efeitos da linhagem citoplasmática sobre características de crescimento em bovinos da raça Canchim. Revista Brasileira de Zootecnia, v.27, n.2, p.272-276, 1998.
2. BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. et al. A set of programs to obtain estimates of variance

and covariances [DRAFT]. Lincoln: Department of Agriculture/ Agricultural Research Service, 1995.

3. FRIES, L.A.; ROSO, V.M. Conectabilidade em avaliações genéticas de gado de corte: uma proposta heurística. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34, 1997, Juiz de Fora. Anais... Juiz de Fora: SBZ, 1997, p.159-161.
4. MELLO, S.P.; ALENCAR, M.M.; SILVA, L.O.C. et al. Estimativas de (co)variâncias e tendências genéticas para pesos em um rebanho Canchim. Revista Brasileira de Zootecnia, v.31, n.4, p.1707-1714, 2002.
5. SILVA, A.M.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R. et al. Herdabilidades e correlações genéticas para peso e perímetro escrotal de machos e características reprodutivas e de crescimento de fêmeas, na raça Canchim. Revista Brasileira de Zootecnia, v.29, n.6 (suplemento 2), p.2223-2230, 2000.
6. TOSH, J.J.; WILTON, J.W. Effects of data structure on variance of prediction error and accuracy of genetic evaluation. Journal of Animal Science, v.72, n.10, p.2568-2577, 1994.
7. VAN VLECK, D.L. Contemporary groups for genetic evaluations. Journal of Dairy Science, v.70, n.11, p.2456-2464, 1987.

TABELA 1. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos e fenotípicos para o peso ao desmame de animais da raça Canchim, em função da estrutura dos efeitos fixos.

Parâmetro <sup>b</sup>	ESTRUTURA DOS EFEITOS FIXOS <sup>a</sup>					
	E1	E2	E3	E4	E5	E6
VAD	218,06	259,18	220,16	216,91	222,12	228,21
VAM	79,21	93,31	64,44	74,83	68,74	74,35
CDM	-42,75	-71,12	-38,75	-45,79	-47,04	-51,51
VMP	115,66	116,79	122,89	123,18	119,55	121,62
VR	506,44	504,86	432,78	470,95	430,68	462,58
VT	876,61	903,01	801,52	840,08	794,05	835,25
$h_d^2$	0,25 (0,04)	0,29 (0,04)	0,27 (0,04)	0,26 (0,04)	0,28 (0,05)	0,27 (0,04)
$h_m^2$	0,09 (0,03)	0,10 (0,03)	0,08 (0,03)	0,09 (0,03)	0,09 (0,03)	0,09 (0,03)
$r_{dm}$	-0,33 (0,14)	-0,46 (0,11)	-0,33 (0,14)	-0,36 (0,14)	-0,38 (0,14)	-0,40 (0,13)
$c^2$	0,13 (0,02)	0,13 (0,02)	0,15 (0,02)	0,15 (0,02)	0,15 (0,02)	0,15 (0,02)
$e^2$	0,58 (0,03)	0,56 (0,03)	0,54 (0,03)	0,56 (0,03)	0,54 (0,03)	0,55 (0,03)

<sup>a</sup>E1= Efeito Principal (EP) de ano e mês de nascimento e sexo do bezerro; E2= EP de ano e trimestre de nascimento e sexo do bezerro; E3= Grupo Contemporâneo (GC) de ano e mês de nascimento e EP de sexo do bezerro; E4= GC de ano e trimestre de nascimento e EP de sexo do bezerro; E5= GC de ano e mês de nascimento e sexo do bezerro; e E6= GC de ano e trimestre de nascimento e sexo do bezerro.

<sup>b</sup>Variâncias genéticas aditivas direta (VAD) e materna (VAM), covariância entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno (CDM), variância do efeito materno permanente (VMP), variâncias residual (VR) e total (VT), herdabilidades direta ( $h_d^2$ ) e materna ( $h_m^2$ ), correlação genética entre efeito genético aditivo direto e materno ( $r_{dm}$ ), proporções da variância total do efeito materno permanente ( $c^2$ ) e do resíduo ( $e^2$ ). Os valores entre parêntesis representam o erro padrão da estimativa.

TABELA 2. Número de observações (NO), de touros (NT) e de matrizes (NM) avaliados, médias dos valores genéticos (VG), das acurácias (AC) e dos erros de predição do valor genético (EP) para os efeitos genéticos aditivos direto e materno, do peso ao desmame, de bezerros (B), de touros (T) e de matrizes (M), em função da estrutura dos efeitos fixos

ESTRUTURA DOS EFEITOS FIXOS <sup>a</sup>						
	E1	E2	E3	E4	E5	E6
NO	5.685	5.685	5.614	5.669	5.498	5.656
NT	270	270	268	270	266	269
NM	1.838	1.838	1.829	1.836	1.809	1.835
Efeito genético aditivo direto <sup>b</sup>						
VG.B	3,766a	5,254b	3,788a	4,031a	3,989a	4,327a
VG.T	5,137	6,699	4,921	5,183	5,025	5,523
VG.M	3,074a	4,322b	2,927a	3,262a	3,163a	3,512a
AC.B	0,601a	0,614d	0,612d	0,602ab	0,603bc	0,605c
AC.T	0,748	0,763	0,753	0,746	0,747	0,750
AC.M	0,557a	0,559a	0,570b	0,556a	0,556a	0,557a
EP.B	11,881c	12,786f	11,808a	11,836b	11,957d	12,096e
EP.T	9,504a	10,066b	9,461a	9,495a	9,609a	9,666a
EP.M	12,153a	13,193d	12,079a	12,127a	12,271b	12,418c
Efeito genético aditivo materno <sup>b</sup>						
VG.B	-0,665cd	-1,484a	-0,517d	-0,780bc	-0,666cd	-0,903b
VG.T	-0,535b	-1,467a	-0,414b	-0,644ab	-0,551b	-0,789ab
VG.M	-0,894bc	-1,575a	-0,699c	-0,953bc	-0,793bc	-1,040b
AC.B	0,38 4c	0,411d	0,367a	0,382c	0,375b	0,384c
AC.T	0,523a	0,561b	0,501a	0,520a	0,514a	0,525a
AC.M	0,471d	0,478e	0,441a	0,460c	0,442a	0,453b
EP.B	8,261e	8,856f	7,509a	8,039d	7,730b	8,006c
EP.T	7,503d	7,906e	6,883a	7,310c	7,050b	7,267c
EP.M	7,860d	8,489e	7,214a	7,692c	7,446b	7,696c

<sup>a</sup>E1= Efeito Principal (EP) de ano e mês de nascimento e sexo do bezerro; E2= EP de ano e trimestre de nascimento e sexo do bezerro; E3= Grupo Contemporâneo (GC) de ano e mês de nascimento e EP de sexo do bezerro; E4= GC de ano e trimestre de nascimento e EP de sexo do bezerro; E5= GC de ano e mês de nascimento e sexo do bezerro; e E6= GC de ano e trimestre de nascimento e sexo do bezerro.

<sup>b</sup>Letras diferentes na mesma linha, representam diferença significativa pelo teste de Tukey ( $P \leq 0,01$ ).