

Herdabilidades e Correlações Genéticas para Critérios de Seleção das Raças Hereford e Braford

Bruno Borges Machado Teixeira¹, Rodrigo Fagundes da Costa¹, Bruna Pena Sollero², Marcos Jun-Iti Yokoo²,
Fernando Flores Cardoso²

¹Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UFPel, Pelotas – RS, Bolsista CAPES. e-mail: btexeira@veterinario.med.br

²Embrapa Pecuária Sul – CPPSul, Bagé.

Resumo: O objetivo deste estudo foi estimar os parâmetros genéticos das raças Hereford e Braford para características de desempenho e de escores visuais por meio da Inferência Bayesiana. Para tal, o modelo animal completo foi considerado, utilizando amostragem de Gibbs em métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC), com os valores *a priori* poucos informativos. Para o *burn-in* foram descartados os primeiros 180.000 ciclos de um total de 1.800.000 ciclos, salvando amostras a cada 40 ciclos, totalizando 40.500 amostras. Em geral, os valores das herdabilidades (h^2) foram considerados de magnitudes baixas a moderadas em relação a outros estudos. Valores das variâncias genéticas aditivas foram similares aos encontrados na literatura, enquanto que os de variância ambiental foram superiores, demonstrando que maior controle de efeitos ambientais tende a elevar os valores de h^2 . Correlações genéticas foram estimadas entre todos os critérios de seleção, sendo positivas e significativas entre as características de desempenho ponderal. Os resultados demonstraram que existe variabilidade genética e associação favorável entre a maioria deles, portanto, é possível obter sucesso na seleção destas características avaliadas.

Palavras-chave: Amostragem de Gibbs, avaliação genética, bovinos de corte, inferência bayesiana

Heritability and genetic correlations for selection criteria for Hereford and Braford beef cattle

Abstract: The aim of this study was to estimate genetic parameters of Hereford and Braford beef cattle for performance traits and visual scores using Bayesian inference. To that, the complete animal model considered, using Gibbs sampling based on Markov Chain Monte Carlo methods (MCMC) with 1,800,000 cycles, after 180,000 burn-in, and stored every 40 cycles, resulting 40,500 samples. Overall, heritability (h^2) values varied from low to moderate magnitude and below compared to other studies. Nevertheless, additive genetic variances obtained were similar with most of the literature reviewed, while environmental variances were higher, suggesting that greater control over environmental factors could increase values of h^2 . Genetic correlations (r_G) estimated among all the selection criteria, were positive and significant between the weight traits. The results demonstrated the existence of genetic variability for these traits in the population studied, indicating the possibility of selection for those traits.

Keywords: Animal breeding, Bayesian inference, beef cattle, genetic evaluation, Gibbs sampling.

Introdução

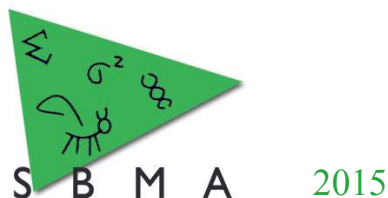
A seleção torna-se possível por que existe variação entre os indivíduos. Sem diferenças entre os animais não haveria necessidade de escolher ou refugar animais para o processo reprodutivo, pois todos teriam o mesmo desempenho. Assim, conhecer as herdabilidades e correlações genéticas referentes aos critérios de seleção é de fundamental importância para a predição dos valores genéticos dos animais, uma vez que estes parâmetros genéticos dependem da frequência gênica na população e são variáveis entre populações mantidas em ambientes diferentes (Koots et al., 1994 a, b).

Segundo Cardoso & Tempelman (2004), modelos hierárquicos bayesianos são ferramentas poderosas na estimação de parâmetros genéticos no intuito de descrever a complexidade biológica e ambiental envolvida no desempenho de bovinos de corte. Estes, por sua vez, contemplam modelos mais realistas para calcular a variabilidade genética aditiva e as correlações entre parentes, aumentando a precisão das estimativas e melhorando a resposta a seleção.

O objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos de todos os critérios de seleção utilizados no programa de avaliação genética das raças Hereford e Braford, PampaPlus por meio de métodos bayesianos.

Material e Métodos

As características analisadas foram: peso à desmama ajustado aos 205 dias (PD205), efeito materno no peso à desmama ajustado aos 205 dias (PDM205), peso ao sobreano ajustado aos 550 dias (PS550), ganho pós desmama ajustado aos 345 dias (GPD345), perímetro escrotal ao sobreano (PES), escore de musculatura (MUS),



escore de estatura (EST), peso ao nascer (PN), escore de estrutura corporal (ECS), escore de pigmentação ocular (POS), escore de tamanho de umbigo (TUS), peso da vaca à desmama (PVD) e escore de condição corporal da vaca ao desmame (CCVD). As análises consideraram o registro de desempenho de 58.780 animais nascidos entre 2007 e 2012, totalizando 87.933 indivíduos na matriz de parentesco, contendo informações de 50 rebanhos das raças Hereford e Braford, localizados no Rio Grande do Sul (48), Santa Catarina (1) e República Oriental do Uruguai (1).

Foi utilizada a metodologia de análise bayesiana pelo programa INTERGEN_v1.2 (Cardoso, 2010), considerando o modelo animal completo, por amostragem de Gibbs em métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC), com valores *a priori* próprios pouco informativos. Do total de 1.800.000 ciclos, 180.000 ciclos iniciais foram descartados (*burn-in*) e foram salvas amostras a cada 40 ciclos, totalizando 40.500 amostras por análise, para posterior cálculo dos parâmetros *a posteriori* (médias, desvios-padrão, intervalo de 95% de probabilidade, etc).

O modelo pode ser descrito para todas as observações em notação matricial, pela seguinte equação: $y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3mpe + e$, onde, y é o vetor de observações; β é o vetor de parâmetros dos efeitos sistemáticos, com matriz de incidência X ; a é o vetor paramétrico dos efeitos genéticos aditivos diretos, com matriz de incidência Z_1 ; m é o vetor paramétrico dos efeitos genéticos aditivos maternos, com matriz de incidência Z_2 ; mpe é o vetor paramétrico dos efeitos de ambiente permanente materno, com matriz de incidência Z_3 ; e é o vetor do erro.

As herdabilidades (h^2) e as correlações genéticas (r_G) para as características foram obtidas a partir das distribuições *a posteriori* das (co)variâncias calculadas a cada ciclo.

Resultados e Discussão

De modo geral os valores *a posteriori* gerados para os componentes de (co)variância foram inferiores aos valores médios descritos pela literatura (Koots et al., 1994 a, b), porém apresentaram-se próximos aos valores encontrados por De Mattos et al. (2000) e por Cardoso & Tempelman (2004), para raças Hereford e Braford. Os valores para as médias *a posteriori*, são apresentados na Tabela 1. A proximidade com os valores relatados por Cardoso & Tempelman (2004), justifica-se por dois fatores: 1) os componentes de (co)variância também foram estimados por inferência bayesiana, e 2) a população em estudo faz parte do programa da Conexão Delta G, onde a maior parte dos animais puros Hereford e de graus de sangue avançados do Braford, são criados no Rio Grande do Sul, em sistema de produção muito semelhantes ao dos rebanhos do PampaPlus e com touros pais em comum aos dois programas.

Os valores de herdabilidades obtidos para os critérios de seleção (Tabela 1) indicam que os efeitos diretos para estas características são moderadamente herdáveis, variando entre 0,07 e 0,19. Os valores de variância genética aditiva direta (σ_a^2) são na maioria bem próximos aos apresentados em outros estudos, de maneira que os valores baixos de h^2 podem ser atribuídos aos altos valores encontrados para os efeitos de natureza não herdável, variância residual (σ_e^2), demonstrando uma grande quantidade de fenômenos não genéticos atuando na manifestação destas características. Ou seja, existe variabilidade genética para as características nesta população, e, portanto, são passíveis de seleção, entretanto, os ganhos genéticos, poderão ser ainda melhores se houver maior controle dos efeitos ambientais.

As r_G entre todos os critérios de seleção do PampaPlus são apresentadas na Tabela 1. Características relacionadas ao desenvolvimento ponderal dos indivíduos (PD205, PS550, GPD345), apresentaram valores positivos e significativos de r_G entre si e com os escores visuais de MUS e EST. A r_G negativa entre PD205 e PDm205 evidencia que os efeitos diretos e maternos são antagônicos, de maneira que para ter-se ganho genético nos dois critérios deve-se combiná-los através de um índice de seleção. Uma vez que as r_G entre todos os critérios de seleção é diferente da unidade, um índice de seleção econômico deve ser proposto para poder selecionar as características de uma forma global e com maiores ganhos aos critérios de seleção no PampaPlus.

As r_G encontradas entre os escores visuais de ECS com MUS, ECS com EST, ECS com CCVD, TUS com MUS, CCVD com MUS, CCVD com EST variaram de 0,97 a 0,99, indicando que estes escores são praticamente a mesma característica.

Tabela 1. Médias *a posteriori* para herdabilidades (h^2), na diagonal, correlações genéticas (r_G), acima da diagonal, e componentes de (co) variância dos critérios de seleção do programa de avaliação genética PampaPlus estimadas via inferência bayesiana.

Caract.	PD205	PDm205	PS550	GPD345	PES	MUS	EST	PN	ECS	POS	TUS	PVD	CCVD
PD205	0,13	-0,57	0,82	0,40	0,00	0,53	0,59	0,25	0,56	-0,25	0,11	0,36	0,00
PDm205		0,09	-0,40	-0,02	0,06	-0,10	-0,16	-0,02	-0,25	0,10	-0,07	0,05	0,04
PS550			0,14	0,76	0,46	0,39	0,38	0,46	0,24	-0,45	0,10	0,60	0,07
GPD345				0,10	0,10	0,33	0,44	0,38	0,10	-0,35	0,26	-0,13	-0,30
PES					0,15	0,13	0,14	0,07	0,26	0,13	0,20	-0,16	0,41
MUS						0,19	0,53	0,34	0,99	-0,05	0,99	0,07	0,98
EST							0,12	0,40	0,99	0,22	0,45	0,23	0,99
PN								0,15	0,39	0,00	0,09	0,52	0,19
ECS									0,17	0,28	0,34	0,31	0,97
POS										0,18	0,10	0,17	0,86
TUS											0,07	-0,04	0,83
PVD												0,18	0,55
CCVD													0,08
σ_a^2 / σ_m^2	100,62	72,61	185,81	92,25	0,88	0,13	0,07	2,52	0,12	0,17	0,01	533,64	0,03
$\sigma_{mpe}^2 / \sigma_{pe}^2$	101,05	-	64,24	-	-	-	-	0,82	-	-	-	776,96	0,04
σ_e^2	564,62	-	1096,89	871,23	4,85	0,56	0,57	14,07	0,61	0,79	0,18	1714,27	0,33

PD205 = peso ao desmame ajustado aos 205 dias de idade; PDm205 = peso ao desmame ajustado aos 205 dias de idade efeito materno; PS550 = Peso ajustado aos 550 dias de idade; GPD345 = ganho pós desmame ajustado para 345 dias; PES = perímetro escrotal ao sobreano; MUS= escore de musculatura; EST= escore de estatura; PN = peso ao nascer; ECS = escore de estrutura corporal; POS = escore de pigmentação ocular; TUS = escore de tamanho do umbigo; PVD = peso da vaca ao desmame; CCVD= escore de condição corporal da vaca ao desmame. σ_a^2 = variância genética aditiva direta; σ_m^2 = variância genética aditiva materna referente a PDm205; σ_{mpe}^2 = variância de ambiente permanente materno; σ_{pe}^2 = variância de ambiente permanente, referente a PVD e CCVD; σ_e^2 = variância residual.

Conclusões

Os parâmetros genéticos estimados para a população são de modo geral diferentes dos relatados pela literatura, devendo ser considerada a atualização destes valores na avaliação genética do PampaPlus.

Os resultados demonstram que existe variabilidade genética de magnitude moderada e progressos genéticos podem ser alcançados por meio da seleção.

Um índice de seleção econômico deve ser proposto para poder selecionar quais características utilizar como critérios de seleção no PampaPlus.

Literatura citada

- Cardoso, F. F. 2010. Aplicação da Inferência Bayesiana no Melhoramento Animal Usando o Programa InterGen Manual da Versão 1.2. (Documentos / Embrapa Pecuária Sul, ISSN 1982-5390 ; 111), Embrapa Pecuária Sul. Bagé, 31p.
- Cardoso, F. F.; Tempelman, R. J. 2004. Hierarchical Bayes multiple-breed inference with an application to genetic evaluation of a Nelore-Hereford population. *Journal of Animal Science* 82:1589-1601.
- De Mattos, D.; Misztal, I.; Bertrand, J. K. 2000. Variance and covariance components for weaning weight for Herefords in three countries. *Journal Animal Science* 78:33-37.
- Koots, K.R.; Gibson, J.P.; Wilton, J.W. 1994. Analyses of published genetic parameters estimates for beef production traits. 1- Heritability. *Animal Breeding Abstracts* 62(5):309-338, a.
- Koots, K.R.; Gibson, J.P.; Wilton, J.W. 1994. Analyses of published genetic parameters estimates for beef production traits. 2 - Phenotypic and genetic correlations. *Animal Breeding Abstracts* 62(11):825-853, b.