

PARÂMETROS GENÉTICOS DOS PARÂMETROS DA CURVA DE CRESCIMENTO ESTIMADOS A PARTIR DE DADOS DE PESO CORPORAL REAIS E SIMULADOS DE BOVINOS TABAPUÃ JOVENS¹

AUTORES

EDUARDO SHIGUERO SAKAGUTI², ELIAS NUNES MARTINS², LUIZ OTÁVIO CAMPOS DA SILVA³

¹ Órgão financiador: CNPq

² Professor do Departamento de Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá, Maringá, PR. essakaguti@uem.br e enmartins@uem.br.

³ Pesquisador da Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS. locs@cnpqg.embrapa.br.

RESUMO

Seis diferentes arquivos de dados foram criados, a partir de um conjunto de dados reais de bovinos Tabapuã, com o objetivo de se avaliar a utilização de dados de animais jovens na estimação de parâmetros genéticos dos parâmetros da curva de crescimento. O arquivo original continha dados de pesos corporais de 4921 animais e foi defasado aleatoriamente e/ou completado por dados simulados. Os modelos estatísticos consideraram como efeitos aleatórios os efeitos genéticos aditivos direto e materno e o efeito de ambiente materno, além dos efeitos fixos da idade da vaca no nascimento, como covariável linear e quadrática, e de grupo contemporâneo. Estimativas de herdabilidade dos parâmetros da função de Von Bertalanffy foram, em geral, bastante inferiores às estimativas referentes aos pesos corporais. A estimação de parâmetros genéticos de parâmetros da curva de crescimento, a partir de dados de animais jovens, se mostrou instável. A variação do número de informações por animal teve considerável influência na instabilidade das estimativas.

PALAVRAS-CHAVE

correlação genética, efeito materno, herdabilidade, peso corporal, simulação, Von Bertalanffy

TITLE

GENETIC PARAMETERS OF GROWTH CURVE PARAMETERS ESTIMATED FROM REAL AND SIMULATED DATA OF YOUNG TABAPUÃ BOVINES

ABSTRACT

Six data files were generated from a set of real data of Tabapuã cattle with the objective of evaluation the use of data of young animals in the estimation of genetic parameters of growth curve parameters. The original file was composed by body weight of 4921 animals and was randomly diminished and/or completed with simulated data. The models considered the random effects of direct and maternal additive genetic effects and maternal environmental effect. Additionally, the fixed effects of calving age, as linear and quadratic covariates, and the contemporary group effect. Heritability estimates of parameters of Von Bertalanffy function were, in general, much smaller than those estimates of body weight. The estimation of genetic parameters of growth curve parameters from data of young animals was instable. The variation in the number of information per animal had considerable influence in the estimates instability.

KEYWORDS

body weight, genetic correlation, heritability, maternal effect, simulation, Von Bertalanffy

INTRODUÇÃO

Uma alternativa para a seleção de animais baseada apenas nos pesos e ganhos de pesos corporais que tende a favorecer animais de portes maiores, é a seleção de animais em função dos parâmetros de curvas de crescimento como taxa de maturação e peso assintótico.

A estimação dos parâmetros das principais funções matemáticas empregadas para descrever a curva de crescimento de bovinos (Peroto et al., 1992) depende da distribuição das medidas de tamanho corporal ao longo da vida dos animais.

Os arquivos nacionais de dados das raças zebuínas apresentam um grande volume de dados de pesos corporais porém, a coleta de dados é interrompida quando os animais estão com menos de três anos, sendo que a maioria dos animais apresenta apenas observações do primeiro ano de vida. Dessa forma, a estimação de curvas de crescimento individuais pode sofrer grandes perturbações, principalmente se as últimas pesagens ocorrem em idades muito jovens e em períodos de baixa disponibilidade de alimentos.

Dados reais e simulados de pesos corporais de zebuínos foram empregados com o objetivo de se avaliar a utilização de dados de animais jovens na estimação de parâmetros genéticos dos parâmetros da curva de crescimento de bovinos.

MATERIAL E MÉTODOS

Neste trabalho foram empregados dados de peso ao nascimento (PNAS), peso ajustado aos 45 (P045), 135 (P135), 225 (P225), 315 (P315), 405 (P405), 495 (P495), 585 (P585) e 675 (P675) dias de idade de 4921 animais da raça Tabapuã, nascidos entre 1975 e 1997 e criados em sistema de pastagem e que receberam alguma forma de suplementação alimentar.

O arquivo original foi desfalcado aleatoriamente e/ou completado por dados simulados de acordo com um modelo que considerou como efeitos aleatórios os efeitos genéticos aditivos direto e materno e o efeito de ambiente materno, além dos efeitos fixos da idade da vaca no nascimento, como covariável linear e quadrática, e de grupo contemporâneo, formado pela combinação das classes de sexo do animal, fazenda, ano e estação de nascimento.

As estimativas dos efeitos do modelo foram obtidas por meio do programa MTGSAM (Van Tassel e Van Vleck, 1995), em análises tri-características dos dados do arquivo original, assumindo-se variâncias médias e covariâncias estimadas dos dados originais. O primeiro grupo de características foi formado pelas características PNAS, P225 e P495, enquanto que P045, P315 e P585 formaram o segundo grupo e P135, P405 e P675 formaram o terceiro grupo de análise. As cadeias de Gibbs foram compostas por 330 mil ciclos, sendo os 30 mil ciclos iniciais descartados e as amostras foram retiradas a cada 50 ciclos.

Os erros aleatórios associados a cada observação foram simulados a partir de uma função que gera números aleatórios provenientes de uma distribuição normal com média zero e variância igual à estimativa da variância residual obtida na análise dos dados originais.

Os arquivos analisados receberam a seguinte denominação:

- Original: arquivo original com todas as observações;
- Defasado: arquivo em que 30% das observações foram aleatoriamente descartadas;
- Completo O: arquivo Original completado com dados simulados;
- Completo D: arquivo Defasado completado com dados simulados;
- Simulado CE: arquivo formado apenas por dados simulados, e
- Simulado SE: arquivo formado apenas por dados simulados, sem considerar erro aleatório.

Em todos os arquivos de dados, para cada animal, foram estimadas curvas de crescimento individuais pela função de Von Bertalanffy. Para as análises posteriores foram considerados apenas os dados dos animais que tiveram estimativas do peso assintótico superior à 200 kg e inferior a 1500 kg.

Os componentes de variância e covariância dos parâmetros das curvas de crescimento (A, B e K) foram estimados por meio do programa MTGSAM, em análises tri-características, considerando os mesmos efeitos descritos anteriormente. Foram adotadas densidades "a priori" planas para os efeitos fixos, normais para os efeitos aleatórios e Wishart invertida para os componentes de (co)variância. As cadeias de Gibbs foram compostas por 340 mil ciclos, sendo os 40 mil ciclos iniciais descartados e as amostras foram retiradas a cada 50 ciclos.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O arquivo original, constituído por 4921, 3767, 4444, 4318, 4050, 3712, 3219, 2678, 900 observações, respectivamente, de PNAS, P045, P135, P225, P315, P405, P495, P585 e P675, apresentou, para a mesma ordem das características, as seguintes médias (desvios-padrão):

32,51 (4,07), 69,42 (14,21), 138,40 (21,95), 205,02 (30,80), 255,63 (40,54), 305,26 (55,67), 349,16 (67,11), 403,14 (76,35) e 433,99 (93,59).

As estimativas de herdabilidade direta dos três grupos de três pesos corporais variaram de 0,27 a 0,40, enquanto que as estimativas de herdabilidade materna variaram de 0,14 a 0,31. O peso ao nascimento apresentou baixas correlações entre os efeitos genéticos diretos e entre efeitos maternos com as demais características, variando de -0,10 a 0,15. Valores positivos, variando de 0,27 a 0,74, foram encontrados para as correlações genéticas diretas e maternas entre as demais características.

As estimativas de correlação entre efeitos genéticos diretos e maternos de uma mesma característica foram de magnitude alta e negativa, variando de -0,84 a -0,48, enquanto que para a correlação entre os efeitos genéticos diretos de uma característica e os efeitos genéticos maternos de outras características foram encontrados valores bastante variados (de -0,58 a 0,07), sendo que os valores próximos ao zero são encontrados para as análises envolvendo o PNAS.

As médias de todos os arquivos foram bastante semelhantes para todas as características. Os desvios-padrão do arquivo Simulado SE foram de 15 a 33% inferior aos demais em função da condição adotada que eliminou a variação dos erros aleatórios (ambiente temporário). Para os demais arquivos os desvios-padrão foram bastante próximos em todas as características com exceção das estimativas referente ao P675 dos arquivos Completo D, Completo O e Simulado A que foram menores (em torno de 80 kg) que as dos arquivos Original e Defasado (92 kg). Esta redução foi provavelmente provocada pelo relevante aumento no número de dados, para P675, nos arquivos completados com dados simulados.

Após o descarte dos animais que apresentavam estimativas do peso assintótico inferior a 200 kg ou superior a 1500 kg, os arquivos com as estimativas dos parâmetros da função de Von Bertalanffy foram compostos por 4842, 3405, 4899, 4920, 4377 e 4659 registros, respectivamente para o arquivo Original, Defasado, Completo D, Completo O, Simulado CE e Simulado SE.

As estimativas bayesianas (média posterior) de herdabilidades e correlações genéticas são apresentadas nas Tabela 1, onde se observa que com exceção das estimativas relacionadas ao arquivo Simulado SE, as estimativas de herdabilidade direta e materna foram de magnitude baixa, variando 0,01 a 0,19, sendo bastante inferiores às estimativas referentes aos pesos corporais. Estes valores são bastante inferiores aos valores encontrados por Meyer (1995) e Kaps et al. (2000), que trabalharam com dados de pesos corporais de animais adultos. Nesses trabalhos as estimativas de herdabilidades para os pesos corporais são semelhantes às estimativas referentes ao peso assintótico (A) e taxa de maturação (K).

O aumento de informações por meio de dados simuladas tendeu a aumentar as estimativas de herdabilidades, sendo que maiores mudanças foram observadas para as estimativas relativas à K.

As estimativas de herdabilidade dos parâmetros das curvas de crescimento do arquivo Simulado SE revelaram menor perda de variabilidade genética direta com o ajuste individual das curvas na primeira etapa, em relação às estimativas de herdabilidade dos pesos corporais que, neste caso, estariam em torno de 0,60. Por outro lado, as estimativas de herdabilidade materna dos parâmetros A, B e K são semelhantes e até superiores às dos pesos corporais deste caso.

As estimativas de correlações entre os efeitos genéticos diretos e os maternos de um mesmo parâmetro apresentaram variação entre os arquivos. Os valores negativos e suas magnitudes são consequência do antagonismo existente entre esses efeitos nos dados de pesos corporais.

Apesar das variações nas magnitudes, as correlações genéticas entre os parâmetros A e K, apresentam o mesmo sentido em todos os arquivos, sendo negativas para um mesmo efeito e positivas entre efeitos diferentes, mostrando o antagonismo entre a taxa de maturação e o peso assintótico, o que é característico das funções de crescimento, combinado com o antagonismo entre os efeitos diretos e maternos.

CONCLUSÕES

A utilização de dados de pesos corporais de apenas animais jovens para a estimação de parâmetros genéticos de parâmetros da curva de crescimento apresentou considerável instabilidade, a qual está sujeita à variação do número de informações por animal.

A incorporação de informações de animais adultos, por meio de modelos de regressão aleatória provavelmente produzirá melhores resultados.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. KAPS, M., HERRING, W. O., LAMBERSON, W. R. Genetic and environmental parameters for traits derived from the Brody growth curve and their relationship with weaning weight in Angus cattle. *J. Anim. Sci.*, 78: 1436-1442. 2000.
2. MEYER, K. Estimates of genetic parameters for mature weight of Australian beef cows and its relationship to early growth and skeletal measures. *Livest. Prod. Sci.*, 44:125-137. 1995.
3. PEROTO, D., CUE, R.I. LEE, A. R. Comparison of nonlinear function for describing the growth curve of three genotypes of dairy cattle. *Can. J. Anim. Sci.*, 72: 773:782. 1992.
4. VAN TASSEL, C. P.; VAN VLECK, L. D. A manual for Use of MTGSAM. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance component estimation [DRAFT] U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995.

41ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia

19 de Julho a 22 de Julho de 2004 - Campo Grande, MS

TABELA 1. Estimativas de herdabilidade direta ($h^2_{a_i}$) e materna ($h^2_{m_i}$) e correlações genéticas ($r_{u_i u_j}$, $u = a, m$) dos parâmetros das curvas de crescimento (i e $j = A, B$ e K)

	Arquivo					
	Original	Defasado	Completo D	Completo O	Simulado CE	Simulado SE
$h^2_{a_A}$	0,10	0,12	0,10	0,18	0,19	0,50
r_{a_A, a_B}	0,50	0,81	0,48	0,51	0,36	0,57
r_{a_A, a_K}	-0,74	-0,54	-0,79	-0,85	-0,83	-0,76
r_{a_A, m_A}	-0,41	-0,50	-0,46	-0,47	-0,52	-0,46
r_{a_A, m_B}	-0,24	-0,41	-0,23	-0,28	-0,21	-0,40
r_{a_A, m_K}	0,37	0,22	0,48	0,39	0,39	0,39
$h^2_{a_B}$	0,07	0,09	0,07	0,10	0,12	0,53
r_{a_B, a_K}	-0,32	-0,40	-0,18	-0,22	-0,05	-0,10
r_{a_B, m_A}	0,02	-0,41	-0,34	-0,17	-0,09	-0,39
r_{a_B, m_B}	-0,29	-0,50	-0,55	-0,47	-0,59	-0,77
r_{a_B, m_K}	0,12	0,19	0,27	-0,01	-0,04	0,17
$h^2_{a_K}$	0,07	0,01	0,10	0,17	0,16	0,54
r_{a_K, m_A}	0,32	0,34	0,28	0,45	0,40	0,23
r_{a_K, m_B}	0,14	0,26	0,10	0,15	-0,04	-0,01
r_{a_K, m_K}	-0,53	-0,37	-0,44	-0,53	-0,53	-0,44
$h^2_{m_A}$	0,09	0,08	0,11	0,12	0,09	0,31
r_{m_A, m_B}	0,67	0,79	0,58	0,60	0,21	0,58
r_{m_A, m_K}	-0,68	-0,40	-0,75	-0,77	-0,72	-0,82
$h^2_{m_B}$	0,06	0,08	0,09	0,11	0,13	0,39
r_{m_B, m_K}	-0,44	-0,25	-0,28	-0,32	0,11	-0,32
$h^2_{m_K}$	0,06	0,05	0,10	0,14	0,11	0,41