

EFEITO DO NÚMERO MÍNIMO DE OBSERVAÇÕES POR CLASSE DE EFEITO FIXO NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DO PESO AO DESMAME DE BOVINOS DE CORTE 1

AUTORES

FÁBIO LUIZ BURANELO TORAL², MAURÍCIO MELLO DE ALENCAR³, ALFR EDO RIBEIRO DE FREITAS³

¹ Parte da Dissertação de Mestrado do primeiro autor. Projeto financiado pela FAPESP

² Estudante de Mestrado da UNESP - Jaboticabal, Programa de Pós Graduação em Zootecnia (Genética e Melhoramento Animal), bolsista da FAPESP, flbtoral@hotmail.com

³ 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

4

5

6

7

8

9

RESUMO

O objetivo foi estudar o efeito do número mínimo de animais em cada grupo de contemporâneos (GC) sobre os resultados da avaliação genética de bovinos da raça Canchim. Dados do peso ao desmame (PD) foram analisados por meio de um modelo animal com os efeitos fixos de GC (ano e mês de nascimento), sexo do bezerro e idade da vaca como covariável (linear e quadrática) e como aleatórios, os efeitos genéticos aditivos direto e materno, de ambiente materno permanente e residual. Foram analisados dados de PD com números mínimos de animais por GC iguais a 2, 5, 10, 15 e 20, porém, geneticamente conectados. Os componentes de (co)variância foram estimados pela metodologia REML e os valores genéticos (VGs) foram preditos pelo BLUP. Para a avaliação genética de produtos e matrizes, as maiores acurácias e menores erros de predição (EP) dos VGs foram associados à arquivos com pelo menos 2 ou 5 animais por GC. A análise do arquivo com o mínimo de 20 animais por GC resultou nos menores EP dos VGs. Para a avaliação dos touros, o número mínimo de animais por GC influenciou apenas o EP dos VGs maternos, sendo este menor no arquivo contendo pelo menos 20 animais por GC. Nas estimativas de parâmetros genéticos de peso ao desmame em bovinos de corte, desde que os GC estejam geneticamente conectados, a opção pelo maior número de GC, desde que tenham pelo menos dois animais, é preferível em relação ao uso de maior número de animais por GC, com redução do número de GC e tamanho do arquivo.

PALAVRAS-CHAVE

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

TITLE

THE EFFECT OF MINIMUM NUMBER OF RECORDS BY FIXED EFFECT LEVEL IN GENETIC EVALUATION OF WEANING WEIGHT OF BEEF CATTLE

ABSTRACT

The objective of this work was to study the effect of minimum number of records by contemporary group (CG) on results of genetic evaluation of Canchim cattle. Weaning weight (WW) records were studied by an animal model with fixed effects of CG (year and month of birth), calf sex, and dam age as covariable (linear and quadratic), and the genetic additive direct and maternal, maternal permanent environment and residual random effects. Weaning weight records with minimum animals by CG equal to 2, 5, 10, 15 and 20, genetically connected were analyzed. (Co)variance components were estimated by REML and breeding values (BVs) were predicted by BLUP. For genetic evaluation of calves and dams, the greatest accuracies and smallest prediction errors (PE) of BVs were

from data set with at least 2 or 5 animals by CG. The analysis of data set with a minimum of 20 animals by CG resulted in the smallest PE on BVs. For genetic evaluation of bulls, the minimum number of records by CG was important only for PE of maternal BVs, and PE on maternal BVs which was smallest in data set with at least 20 animals by CG. In the estimation of genetic parameters of WW of beef cattle, as soon as CG are genetically connected, the choice for a great number of CG with at least two animals is preferable than a great number of animals by CG, with a smallest number of CG and data set size.

KEYWORDS

Accuracy, Contemporary Group, Genetic Progress, Prediction Error, Selection

INTRODUÇÃO

A avaliação genética é importante na cadeia produtiva da carne bovina porque permite a identificação e possibilita a multiplicação de indivíduos portadores de genes desejáveis, capazes de melhorar a eficiência produtiva dos rebanhos. É de consenso (ALIANÇA NELORE, 2002) que esta avaliação deve ser feita entre indivíduos que tenham sido submetidos às mesmas condições de criação (manejo, alimentação, etc.), para que as diferenças observadas sejam consequência de fatores genéticos. Entretanto, mesmo dentro da mesma fazenda, é impossível que todos os animais sejam criados sob as mesmas condições.

Para minimizar ou solucionar este problema, avaliam-se grupos de contemporâneos (GC), ou seja, indivíduos que são submetidos a condições semelhantes de manejo e alimentação e que, portanto, podem ser comparados entre si. Entretanto, pouco se conhece a respeito do número mínimo de animais que deve compor os GC. LOFGREN e STEWART, 1994 sugerem que um GC deve conter progênie de pelo menos dois reprodutores. Segundo ALIANÇA NELORE, 2002, os GC devem estar geneticamente conectados por meio de touros ou vacas comuns em diferentes grupos, para assegurar que os resultados da avaliação genética sejam realmente válidos.

No Brasil, alguns trabalhos sobre avaliação genética ainda são feitos apenas excluindo-se os GC que possuem menos que 4 ou 5 animais, de forma empírica, sem saber as consequências dessas restrições. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi estudar a influência do número mínimo de animais em cada GC, quanto à avaliação genética do peso ao desmame de bovinos Canchim.

MATERIAL E MÉTODOS

Neste trabalho foram estudados os dados de peso ao desmame de bovinos da raça Canchim do rebanho pertencente à Embrapa Pecuária Sudeste. Os dados foram obtidos de animais nascidos entre os anos de 1954 e 2000. Foram utilizados 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).

Dados do peso ao desmame foram analisados por meio de um modelo animal que incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (GC) (ano e mês de nascimento), sexo do bezerro e idade da vaca como covariável (efeito linear e quadrático) e como aleatórios, os efeitos genéticos aditivos direto e materno, de ambiente materno permanente (não correlacionado) e residual. O arquivo continha vacas que pariram dos 755 aos 6.674 dias de idade (média de 2.419) e bezerros desmamados entre 180 e 300 dias de idade (média de 240). Foi utilizado um mesmo arquivo genealógico em todas as análises, contendo 10.492 animais.

Foram formados cinco arquivos de dados, contendo pelo menos 2, 5, 10, 15 ou 20 (dessa forma cada arquivo está contido no outro: por ex, um arquivo com pelo menos 2, na verdade pode conter 5, 10, 15 ou 20) animais em cada GC (ano e mês de nascimento). Para que cada grupo de contemporâneos fizesse parte do arquivo analisado, deveria estar geneticamente conectado a outro grupo por pelo menos dez laços genéticos diretos, seguindo-se recomendações de FRIES e ROSO, 1997. Não foram estudados arquivos com pelo menos 25 ou mais animais por GC, para evitar redução muito grande do número de animais avaliados.

Os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foram estimados por meio do método da máxima verossimilhança restrita (REML), e os valores genéticos foram obtidos por meio do melhor preditor linear não viesado (BLUP) utilizando-se o programa MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995).

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

tomaram pais em gerações seguintes), touros e matrizes foram submetidos à análise de variância e testes de hipóteses utilizando-se o teste de Tukey, para rejeitar ou não a hipótese de nulidade entre as médias associadas às estruturas dos efeitos fixos.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 1 são apresentados os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para o peso ao desmame em função do número mínimo de observações por grupo de contemporâneos (GC). Houve aumento de aproximadamente 16% no componente de variância do efeito materno permanente. Isto pode ter ocorrido em função da redução do número de vacas que tiverem registro próprio de peso ao desmame avaliado, resultado semelhante ao obtido por MANIATIS e POLLITT, 2003 que trabalharam com ovinos. Os outros componentes foram pouco influenciados pelo número mínimo de animais por GC, o que era esperado, uma vez que os arquivos com pelo menos 5, 10, 15 e 20 animais são uma amostra do arquivo com pelo menos 2 animais.

Os valores dos parâmetros genéticos estimados (herdabilidades e correlações) 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 o peso ao desmame pode ser alterado pelo processo de seleção. Todavia, deve-se tomar cuidados quanto à correlação genética desfavorável do peso ao desmame com o efeito materno, a qual indica que a seleção para maior peso ao desmame pode provocar redução da habilidade materna.

Na Tabela 2 são apresentados o número de observações, touros e matrizes avaliados, e as médias dos valores genéticos, acurácias e erros de predição dos valores genéticos para os efeitos genéticos aditivos direto e materno, em função do número mínimo de animais por GC. Para a avaliação genética de produtos e matrizes, as maiores acurácias e menores erros de predição dos valores genéticos, estiveram associados, em geral, à arquivos com pelo menos 2 ou 5 animais por GC. A análise do arquivo com pelo menos 20 animais por GC foi a que resultou nos menores erros de predição dos valores genéticos, porém, o tamanho deste arquivo era 22% menor em relação ao arquivo com pelo menos 2 animais por GC. Esta redução do número de dados analisados pode estar influenciando estes resultados, uma vez que menor número de informações de parentes está contribuindo para a acurácia dos animais. Os resultados deste trabalho confirmam os obtidos por TOSH e WILTON, 1994 que em estudos de simulação, obtiveram correlação entre o tamanho do GC e a variância do erro de predição de $-0,50$. Estes autores também observaram que o tamanho do GC está pouco associado à acurácia da avaliação, mas ressaltam que em estudos com bancos de dados reais pode haver maior variação dos resultados, em razão da maior complexidade entre os efeitos que atuam sobre a acurácia. Para a avaliação dos touros, o número mínimo de animais por GC teve influência apenas para o erro de predição dos valores genéticos maternos, sendo este menor no arquivo com pelo menos 20 animais por GC.

LOFGREN e STEWART, 1994 recomendam que GC sejam formados pela progênie de pelo menos 2 reprodutores e observaram que GC com progênie de mais de 5 reprodutores não foram capazes de aumentar a acurácia significativamente, mas ressaltaram que a acurácia aumenta quando aumenta o número de GC avaliados, o que está de acordo com os resultados deste trabalho.

CONCLUSÕES

Nas estimativas de parâmetros genéticos do peso ao desmame em bovinos da raça Canchim, desde que os grupos de contemporâneos estejam geneticamente conectados, a opção pelo maior número de grupos, desde que tenham pelo menos dois animais, é preferível em relação ao uso de maior número de animais por grupo de contemporâneos, porém, com redução do número de GC e tamanho do arquivo.

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. ALIANÇA NELORE.. Sumário 2002 Aliança Nelore. São José do Rio Preto, 2002. 58p.
3. 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. A set

of programs to obtain estimates of variance and covariances [DRAFT]. Lincoln: Department of Agriculture/ Agricultural Research Service, 1995.

4. 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.
5. LOFGREN, D.L.; STEWART, T.S. Optimal contemporary group structure to maximize genetic progress through genetic evaluation of swine. *Journal of Animal Science*, v.72, n.9, p.2254-2259, 1994.
6. MANIATIS, M.; POLLOTT, G.E.. The impact of data structure on genetic (co)variance components of early growth in sheep, estimated using an animal model with maternal effects. *Journal of Animal Science*, v.81, n.1, p.101-108, 2003.
7. MELLO, S.P.; ALENCAR, M.M.; SILVA, L.O.C. Estimativas de (co)variâncias e tendências genéticas para pesos em um rebanho da raça Canchim. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.31, n.4, p.1707-1714, 2002.
8. 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.
9. 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.

TABELA 1. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos e fenotípicos para o peso ao desmame, em função do número mínimo de observações por classe de efeito fixo

Parâmetro ^a	NÚMERO MÍNIMO DE OBSERVAÇÕES				
	2	5	10	15	20
VAD	220,16	222,81	214,88	206,49	202,17
VAM	64,44	64,23	65,74	67,52	62,43
CDM	-38,75	-39,21	-39,71	-40,01	-39,63
VMP	122,89	123,99	129,63	134,81	142,56
VR	432,78	428,81	431,47	435,95	437,39
VT	801,52	800,62	802,01	804,75	804,92
h_d^2	0,27 (0,04)	0,28 (0,04)	0,27 (0,04)	0,26 (0,04)	0,25 (0,05)
h_m^2	0,08 (0,03)	0,08 (0,03)	0,08 (0,03)	0,08 (0,03)	0,08 (0,03)
r_{dm}	-0,33 (0,14)	-0,33 (0,14)	-0,33 (0,15)	-0,34 (0,15)	-0,35 (0,16)
c^2	0,15 (0,02)	0,15 (0,02)	0,16 (0,02)	0,17 (0,02)	0,18 (0,03)
e^2	0,54 (0,03)	0,54 (0,03)	0,54 (0,03)	0,54 (0,04)	0,54 (0,04)

^aVariância genética aditiva direta (VAD) e materna (VAM), covariância entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno (CDM), variância do efeito materno permanente (VMP), variância residual (VR), variância total (VT),

herdabilidade direta (h_d^2), herdabilidade materna (h_m^2), correlação genética entre efeito genético aditivo direto e materno (r_{dm}), proporção da variância total devido ao efeito materno permanente (c^2) e proporção da variância total devido ao resíduo (e^2). Os valores entre parêntesis representam o erro padrão da estimativa.

TABELA 2. Número de observações (NO), touros (NT) e matrizes (NM) avaliados, valores genéticos (VG), acurácias (AC) e erros de predição do valor genético (EP) médios para os efeitos genéticos aditivos direto e materno para o peso ao desmame, de produtos (P), touros (T) e matrizes (M), em função do número mínimo de observações por classe de efeito fixo

	NÚMERO MÍNIMO DE OBSERVAÇÕES				
	2	5	10	15	20
NO	5.614	5.548	5.162	4.828	4.386
NT	268	267	260	256	248
NM	1.829	1.828	1.784	1.744	1.687
Efeito genético aditivo direto ^a					
VG.P	3,792bc	4,219c	3,656bc	3,365ab	2,795a
VG.T	4,921	5,354	4,729	4,533	4,025
VG.M	2,927ab	3,250b	2,703ab	2,673ab	2,144a
AC.P	0,612d	0,615e	0,607c	0,597b	0,589a
AC.T	0,753	0,755	0,750	0,739	0,729
AC.M	0,570d	0,571d	0,557c	0,542b	0,527a
EP.P	11,808d	11,847e	11,726c	11,607b	11,570a
EP.T	9,461	9,482	9,435	9,437	9,514
EP.M	12,079bc	12,138c	12,068abc	11,973a	11,991ab
Efeito genético aditivo materno ^a					
VG.P	-0,517a	-0,666a	-0,508a	-0,307b	-0,221b
VG.T	-0,414	-0,565	-0,386	-0,188	-0,182
VG.M	-0,699ab	-0,815a	-0,695ab	-0,551ab	-0,406b
AC.P	0,367c	0,367c	0,365bc	0,362b	0,347a
AC.T	0,501	0,502	0,502	0,500	0,482
AC.M	0,441b	0,440b	0,437b	0,436b	0,414a
EP.P	7,509c	7,498b	7,592d	7,704e	7,452a

EP.T	6,883a	6,872a	6,955ab	7,061b	6,876a
EP.M	7,214a	7,209a	7,302b	7,408c	7,207a

^a Letras diferentes na mesma linha representam diferença significativa pelo teste de Tukey ($P \leq 0,01$).