



43ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia
24 a 27 de Julho de 2006
João Pessoa - PB

RELAÇÕES POLIMORFISMO DE LOCOS STR COM CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E CARÇAÇA EM BOVINOS DA RAÇA NELORE

CLÁUDIO DE ULHOA MAGNABOSCO¹; LUCILEIDE VILELA RESENDE^{2,3}, MARIANA PIRES DE CAMPOS TELLES³, JOSÉ BENEDITO DE FREITAS TROVO⁴, BRENO DE FARIA E VASCONCELLOS³, LUIZ ANTÔNIO JOSAHKIAN⁵ E ROBERTO DANIEL SAINZ⁶

1 Pesquisador da Embrapa Cerrados/Arroz e Feijão, Bolsista do CNPq, CP:08223, Planaltina, DF, e-mail: mclaudio@cpac.embrapa.br

2 Zootecnista, Bolsista Capes no Mestrado em Ciência Animal, UFG, e-mail: lvresende@yahoo.com.br

3 Laboratório de Genética e Melhoramento, Departamento de Zootecnia/ITS, UCG, e-mail: tellesmpc@yahoo.com.br e brenovasconcellos@bol.com.br

4 Pesquisador da Embrapa Gado de Corte/Arroz e Feijão, Campo Grande, MS, e-mail: trovo@cnpaf.embrapa.br

5 Superintendente Técnico da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu – ABCZ, Uberaba, MG, e-mail: abczsut@abcz.org.br

6 Professor da Universidade da Califórnia-Davis, EUA, e-mail: rdsainz@ucdavis.edu

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi estimar os componentes de variância e de herdabilidade para as características de crescimento e carcaça e verificar suas alterações com a inclusão dos locos STR. O arquivo de dados possui informações de 218 animais da raça Nelore, dos quais foi colhido sangue e extraído o DNA para as análises moleculares com os locos (BM1824, BM2113, CSN3, ETH225, SPS115). As características avaliadas foram: GMD112 (ganho médio diário de peso aos 112 dias), PC426 (peso calculado aos 426 dias), AOL (área de olho de lombo), EG (espessura de gordura) e P8 (espessura de gordura na garupa), adotando um modelo diferente para cada característica, utilizando o aplicativo MTGSAM para produzir amostras de componentes de variância. As características GMD112, PC426, AOL, EG e P8 apresentaram médias de 1100,77, 341,32, 56,93, 2,25, 3,89, respectivamente e estimativas de herdabilidade obtidas das densidades posteriores de 0,61 (GMD112), 0,81 (PC426), 0,55 (AOL), 0,70 (EG) e 0,75 (P8). Esses resultados mostram que as estimativas dos componentes de variância genética aditiva e herdabilidade não apresentaram alterações em valor e também na forma das densidades posteriores, após a inclusão dos locos no modelo utilizado. Esses resultados sugerem que novos estudos com maiores amostras precisam ser conduzidos para verificação de possível associação entre os locos os parâmetros e as características estudadas.

PALAVRAS-CHAVE

Gibbs sampling, microssatélite, Nelore, parâmetros genéticos

RELATIONSHIPS AMONG STR LOCI POLYMORPHISMS WITH GROWTH AND CARCASS TRAITS IN NELORE CATTLE

ABSTRACT

The objective of this study was to estimate the components of variance and heritabilities for growth and carcass traits and to observe any possible modification of these with the inclusion of STR loci information. The data file contained information from 218 Nelore bulls from which blood was collected for

subsequent DNA extraction and analysis of STR (BM1824, BM2113, CSN3, ETH225 and SPS115 loci). The following traits were evaluated: GMD112 (average daily gain over 112 days, kg/d), PC426 (expected body wt at 426 days, kg), AOL (longissimus muscle area, cm²), EG (12th-13th rib backfat, mm) and P8 (rump fat, mm), with a different model for each trait. The MTGSAM program was used to produce samples of components of variance such that the posterior means of these components were considered as the estimates of the genetic parameters. Mean values of GMD112, PC426, AOL, EG and P8 were 1101, 341.3, 56.93, 2.25 and 3.89, respectively and estimates of heritability obtained from the posterior densities were 0.61 (GMD112), 0.81 (PC426), 0.55 (AOL), 0.70 (EG) e 0.75 (P8). Estimates of components of additive genetic variance and heritabilities were unaffected in value or shape of the posterior densities after inclusion of the STR. Further research are needed, with larger sample sizes, to verify possible associations among the loci, the genetic parameters and the traits studied.

KEYWORDS

genetic parameters, Gibbs sampling, microsatellite, Nelore

INTRODUÇÃO

A raça Nelore ocupa o primeiro lugar entre as raças de corte criadas no País, dessa forma é importante o conhecimento de seu potencial de ganho em peso. As Provas de Ganho em Peso têm sido muito utilizadas na identificação de animais geneticamente superiores para características de crescimento (Josahkian, 2000). Com o desenvolvimento de novas tecnologias foi possível a localização de pontos de referência nos cromossomos, denominados de marcadores moleculares. Os marcadores STR (Repetições curtas em série), utilizados no melhoramento genético de bovinos, tem se mostrado subsídios importantes no melhoramento genético. (Regitano e Coutinho, 2001).

Para utilização das informações de características de crescimento ou de carcaça na seleção, é importante conhecer o comportamento da característica e adequar a melhor metodologia para análise (Barbosa, 2005). Neste contexto, a Amostragem de Gibbs (GS) é utilizada para estimação de parâmetros genéticos e permite gerar médias e amostras posteriores da cadeia GS para estimar componentes de variância e parâmetros genéticos (Magnabosco et al., 2001).

As estimativas dos parâmetros genéticos para características ponderais da raça Nelore têm apresentado grande variabilidade, sendo um bom indicador da resposta à seleção. Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar os componentes de variância e de herdabilidade para as características de crescimento e carcaça e verificar a suas alterações com a inclusão dos marcadores STR.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados de três Provas de Ganho em Peso (PGP) realizadas pela Associação Goiana de Criadores de Zebu (AGCZ), com um total de 218 animais da raça Nelore. Destes animais, foi colhido sangue e extraído o DNA para as análises moleculares com os locos STR (BM1824, BM2113, CSN3, ETH225, SPS115).

Nestas análises foram avaliadas as características: GMD112 (ganho médio diário de peso aos 112 dias), PC426 (peso calculado aos 426 dias), AOL (área de olho de lombo, cm²), EG (espessura de gordura na 12a-13a costela, mm) e P8 (espessura de gordura na garupa, mm) com os efeitos fixos: IDV (idade da vaca ao parto), ano (ano da prova de ganho em peso), mês (mês de nascimento do animal) e os cinco locos STR. Estas análises estatísticas foram realizadas no PROC GLM ("General Linear Models") do SAS ("Statistical Analysis System") (2003), utilizando um modelo de efeitos fixos, para definir um modelo matricial a ser utilizado para as análises genéticas dos componentes de variância e herdabilidades.

O modelo proposto incluiu um a dois "efeitos fixos" para as características GMD112 e EG e um "efeito fixo" para PC426, AOL e P8. Para GMD112 foram testados três modelos: GMD112Ano (tendo como "efeito fixo" ano), GMD112AnoCSN3 (ano e o loco CSN3) e GMD112AnoBM2113 (ano e o loco

BM2113), para EG foram testados dois modelos: EGAno (ano) e EGAnoSPS115 (ano e o loco SPS115) e para PC426Ano, AOLAno e P8Ano foi testado apenas um modelo com o “efeito fixo” de ano.

As análises, considerando uma única característica separadamente (unicarater), foram realizadas sob modelo animal, pelo método da Amostragem de Gibbs, utilizado no aplicativo MTGSAM (“Multiple Trait using Gibbs Sampler under Animal Model”), conforme o modelo matricial descrito a seguir:

XXXXXX

Como efeitos aleatórios foram consideradas as contribuições dos efeitos diretos, considerando y como sendo o vetor das variáveis dependentes, X a matriz de incidência que associa y ; com y , X ; o vetor dos “efeitos fixos”, Z a matriz de incidência que associa a com y , a representando o vetor dos efeitos genéticos aditivos diretos e e o vetor de resíduos.

O MTGSAM foi usado para calcular as médias posteriores dos componentes de variância obtidas a partir das amostras da cadeia de Gibbs, bem como estimar herdabilidades e o valor genético dos animais.

Admitiu-se a suposição de nenhum conhecimento inicial ou a “priori” dos valores iniciais dos componentes de variância, para GMD112 e PC426, e para AOL, EG e P8 foram utilizados valores encontrados por Barbosa (2005). A implementação da Amostragem de Gibbs foi realizada utilizando vários tamanhos de cadeia (TC), variando para cada análise até a convergência. Nas análises finais foram utilizados tamanhos de cadeia (TC) de no mínimo 1.200.000 ciclos com período de descarte amostral (k) de 10.000 ciclos e um intervalo amostral de 1.000 ciclos, gerando de 1.190 a 2.390 amostras de médias posteriores dos componentes de variância, de acordo com a análise implementada.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados obtidos contemplando as médias, desvio padrão, coeficiente de variação, valores mínimos e máximos das características de crescimento e carcaça estão descritos na Tabela 1.

As características GMD112 e PC426 são padronizadas pelo regulamento da ABCZ (Associação Brasileira de Criadores de Zebu) para provas de ganho em peso em confinamento (Josahkian, 2000), não tendo sido encontrados na literatura revisada, mais trabalhos contemplando estas características. No entanto, elas podem ser comparadas com outras características de crescimento pós desmama como P365, P450 e P550, por apresentarem alta correlação genética para os efeitos genéticos diretos (Magnabosco, 1997).

Nas análises unicarater sob modelo animal utilizando o MTGSAM para as características estudadas, foram utilizados três modelos para GMD112: GMD112Ano (tendo como “efeito fixo” ano), GMD112AnoCSN3 (ano e o loco CSN3) e GMD112AnoBM2113 (ano e o loco BM2113); dois modelos para EG: EGAno (ano) e EGAnoSPS115 (ano e o loco SPS115) e para PC426Ano, AOLAno e P8Ano foi testado apenas um modelo com o “efeito fixo” ano.

Os resultados das estimativas de componentes de variância e herdabilidade direta, bem como as medidas de tendência central (média e mediana), variâncias amostrais, desvios padrões e intervalos de confiança, para as características de crescimento e carcaça, obtidos em análises unicarater pela Amostragem de Gibbs, são apresentadas na Tabela 2.

A inclusão dos locos não apresentou uma influência que alterasse a magnitude dos efeitos de variância, mostrando que a inclusão dos genótipos pouco ou nada alterou os valores encontrados para os componentes de variância e herdabilidade, analisando os diferentes modelos utilizados para a mesma característica. Para testar se estes diferentes modelos estavam modificando os valores genéticos de cada animal, foi realizada uma análise de correlação entre os três modelos utilizados para a características GMD112 e os dois modelos utilizados para EG. Os resultados mostraram que estes modelos estão altamente correlacionados e que a inclusão dos locos não afetaram as características estudadas.

Nas estimativas de herdabilidade são esperadas diferenças de magnitude, podendo sofrer alterações

em consequência da seleção, mudanças no manejo e outros fatores, podendo ser influenciada por métodos e modelos de estimação (Yokoo, 2005). Este autor encontrou coeficientes de herdabilidade para as características AOL, EG e P8 de 0,29, 0,50 e 0,39, respectivamente, utilizando o aplicativo MTDFREML, sendo menores que os valores encontrados neste estudo.

Barbosa (2005) estimou coeficientes de herdabilidade para as características AOL, EG e P8 de 0,64, 0,41 e 0,65, respectivamente, utilizando o aplicativo MTGSAM, sendo próximos aos valores encontrados neste estudo, exceto para EG. As características de carcaça estudadas são de grande importância para melhorar o desempenho produtivo de animais da raça Nelore (Yokoo, 2005).

De maneira geral, os valores de herdabilidade encontradas para as características de crescimento, neste estudo, foram bem superiores aos valores encontrados na literatura (Magnabosco, 1997; Magnabosco et al., 2001; Faria, 2003).

Os resultados obtidos neste estudo pelo método GS são consistentes, considerando outros trabalhos que também a mesma metodologia (Magnabosco, 1997; Magnabosco et al., 2001; Faria, 2003; Barbosa, 2005). Assim, considerando as estimativas de herdabilidade obtidas nesse estudo, existem suficiente informações para afirmar que essas características são passíveis de seleção, podendo ser indicadas como critérios de seleção em modernos programas de melhoramento genético da raça Nelore.

Os valores de variância das amostras (s^2) e desvios padrão observados foram bem mais altos para todas as características, em especial quando comparados com os trabalhos de Faria (2003), para a característica peso calculado e de Barbosa (2005), para as características de carcaça (AOL, EG e P8). Neste estudo as altas variâncias observadas, podem ser explicadas pela pequena quantidade de informações disponíveis (218 animais medidos). Isso é explicado pelo fato da variância amostral ser inversamente proporcional a quantidade de informações e esses resultados são similares à conclusão de Faria (2003) de que, quanto maior o número de amostras obtidas, menor a variância entre elas, considerando o período de descarte das amostras iniciais.

CONCLUSÕES

Esses resultados mostram que as estimativas dos componentes de variância genética aditiva e herdabilidade não apresentaram alterações em valor e também na forma das densidades posteriores, após a inclusão dos locos e sugerem que estas características podem ser indicadas como critérios de seleção. No entanto novos estudos com maiores amostras precisam ser conduzidos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. BARBOSA, V. Estimação de componentes de (co)variância para características de qualidade da carcaça em bovinos da raça Nelore através de medidas de ultra-sonografia da área de olho de lombo e gordura de cobertura. 2005. 69f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) – Escola de Veterinária, Universidade Federal de Goiás, Goiânia.
2. FARIA, C.U. Inferência bayesiana no estudo genético quantitativo de características reprodutivas e de crescimento de bovinos da raça Nelore. 2003. 86f. Dissertação (Mestrado em Produção Animal) – Escola de Veterinária, Universidade Federal de Goiás, Goiânia.
3. JOSAHKIAN, L. A. PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DAS RAÇAS ZEBUÍNAS. In: Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, 3, 2000, Belo Horizonte. Anais... Belo Horizonte: SBMA, 2000. p. 76-96.
4. MAGNABOSCO, C. D U. Estimativas de parâmetros genéticos em características de crescimento de animais da raça Nelore usando os métodos de máxima verossimilhança restrita e amostragem Gibbs. 1997. 89p. Tese (Doutorado em Ciências). Faculdade de Medicina, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto.
5. MAGNABOSCO, C. D. U.; FARIA, C. U.; REYES, A. D. L.; et al. Implementação da amostragem de Gibbs para estimação de componentes de (co) variância e parâmetros genéticos em dados de campo

de bovinos Nelore. Planaltina-DF: Embrapa Cerrados, 2001. 50p. (Embrapa Cerrados. Documentos, 376. YOKOO, M. J. I. Estimativas de efeitos genéticos e ambientais para características de carcaça medidas pelo ultra-som em bovinos da raça Nelore. 2005. 89f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.