

Adequação de modelos para estimativa de parâmetros genéticos relativos ao peso aos 205 dias de idade em bovinos da raça Tabapuã, criados na região Nordeste¹

Appropriate models to estimate genetic parameters for weight at 205 days of age of the Tabapuã Zebu cattle in Northeast region of Brazil

Eduardo Juliano Jacinto², Raimundo Martins Filho³, Carlos Henrique Mendes Malhado⁴, Danielle Maria Machado Ribeiro Azevedo⁵, Paulo Luiz Souza Carneiro⁴, Raimundo Nonato Braga Lôbo⁶, Olivardo Facó⁷, Carlos Henrique Cavallari Machado⁸ e Julio César de Souza⁹

RESUMO

Dados de pesos ao desmame (P205) de 12.181 bovinos da raça Tabapuã, criados em regime de pasto, no Nordeste do Brasil, foram utilizados em análises univariadas, sob cinco diferentes modelos animais, contendo o efeito aleatório genético direto do animal, incluindo ou não o efeito genético materno e de ambiente permanente, além do efeito fixo de grupo contemporâneo e a covariável idade da vaca ao parto. Os componentes de (co)variância foram estimados pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), usando o aplicativo MTDFREML. O modelo que incluiu somente o efeito genético direto do animal superestimou a variância genética aditiva, elevando o valor da herdabilidade (0,39). Quando o efeito de ambiente permanente não foi incluído no modelo, as variâncias genéticas aditivas, direta e materna aumentaram. A inclusão do efeito genético materno, em vez do efeito de ambiente permanente, quando se considerou a covariância entre os efeitos genéticos direto e materno igual a zero, praticamente não alterou o valor da variância genética aditiva direta. As estimativas de herdabilidade obtidas sob os modelos mais completos (MA1 e MA2) foram: $0,17 \pm 0,04$ e $0,17 \pm 0,03$, para o efeito direto, e $0,10 \pm 0,04$ e $0,09 \pm 0,03$ para o efeito materno, considerando ou não a covariância entre os efeitos genéticos direto e materno, respectivamente.

Termos para indexação: covariância, efeito genético direto, efeito genético materno, zebu.

ABSTRACT

Weaning (W205) bodyweight data from 12.181 Tabapuã cattle, raised under pastures regime in the Northeast region of Brazil, were studied using one-trait analyses under five different models for animals, containing random direct genetic effect from the animal, including or not maternal genetic and lifelong environmental effects, in addition to fixed effects of the contemporaneous group, and the variable age of dam at calving. Genetic parameters and (co)variance components were estimated by the Restricted Maximum Likelihood Method (REML), making use of the software MTDFREML. The model that included the direct genetic effect from the animal alone overestimated the additive genetic variance, rising heritability values (0.39). When the permanent environmental effect wasn't included in the model, the values of additive genetic direct and maternal variances raised. Inclusion of the genetic maternal effect, as a replacement for permanent environmental effects, considering the covariance between direct and maternal effects equal to zero, hardly altered the value of the direct additive variance. Heritabilities estimates, obtained through the most complete model (AM1 and AM2), were: 0.17 ± 0.04 and 0.17 ± 0.03 for the direct effect, 0.10 ± 0.04 and 0.09 ± 0.03 for the maternal effect, considering or not the covariance between direct and maternal effects, respectively.

Index terms: covariance, direct genetic effect, maternal genetic effect, zebu breed.

¹ Recebido para publicação em: 30/08/2004.

Aprovado em: 14/12/2004.

Projeto financiado pelo CNPq, monografia realizada no Dep. de Zootecnia, CCA/UFC e apresentada pelo primeiro autor à UFPR

² Médico Veterinário, ejjcainto@hotmail.com

³ Pesquisador UFPI, bolsista CNPq, rmartinsfilho@yahoo.com.br

⁴ Prof. do DCB/UFSB, SP, malhado@uesb.br - pcarneiro@uesb.br

⁵ Pesquisadora UFPI, danizootec3@hotmail.com

⁶ Pesquisador da Embrapa Caprinos, bolsista CNPq, lobo@cnpq.embrapa.br

⁷ Doutorando do Dep. de Zootecnia, CCA/UFC, faco@uol.com.br

⁸ Sup. Técnico Adjunto do Melhoramento Genético ABCZ

⁹ Prof. UFPR, PE, jcs@ufpr.br

Introdução

Atualmente, o Brasil possui o maior rebanho comercial de bovinos do mundo e vem buscando se firmar como um dos maiores exportadores de carne bovina, principalmente devido à quase totalidade dos nossos animais serem criados a pasto, o chamado “boi verde” que, após o surgimento da “vaca louca”, tornou-se um produto precioso no mercado externo, devido à imagem associada de que a carne produzida a pasto é saudável.

Todavia, os índices zootécnicos observados no Brasil, particularmente na Região Nordeste, estão aquém daqueles que poderiam garantir a pecuária como uma atividade competitiva, eficiente, rentável e sustentável. Neste cenário, apenas com esforços contínuos de melhoramento genético e ambiental, de forma integrada, haverá possibilidade de sucesso frente ao desafio de se obter um produto de excelente qualidade, com menor custo possível.

O conhecimento dos parâmetros genéticos das características de importância econômica é essencial para o delineamento de programas de seleção, pois permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção, como também, os melhores meios para se alcançar os objetivos.

Por se tratar de espécie mamífera, o conhecimento da influência materna sobre as características do período pré-desmama, em bovinos, é essencial, pois se sabe que o pai irá contribuir com os efeitos genéticos diretos, enquanto a mãe, além destes, também fornece o ambiente materno. Os efeitos maternos podem ser definidos como qualquer contribuição, influência ou impacto sobre o fenótipo do indivíduo, que possam ser atribuídos diretamente ao fenótipo da mãe (Hohenboken, 1985).

Quando se analisam os dados de bovinos de corte, não somente se faz necessária a diferenciação de fatores genéticos e ambientais, mas também devem ser separados, da parte genética, os efeitos diretos e maternos. O problema principal para entender a variação genética é a relação entre os efeitos direto e materno, pois, o antagonismo entre eles poderia ter conseqüências para programas de melhoramento (Fernandes e Ferreira, 2000).

Diversos autores (Eler et al., 1996; Fernandes e Ferreira, 2000; Ferraz Filho, 2001) têm encontrado correlações genéticas negativas entre efeito direto e materno, para o peso ao desmame em diversas raças. Entretanto, Magnobosco et al. (1996) comentaram que estas altas e negativas correlações, relati-

vamente comuns na literatura, devem-se mais à inadequação dos modelos de análise estatística do que a uma explicação biológica.

Fernandes e Ferreira (2000), estudando sete diferentes modelos para animais da raça Charolês, concluíram que quando não se incluiu o efeito materno e de ambiente permanente nos modelos, os mesmos não mostraram diferenças significativas a 1% de significância, quando comparados entre si, para a característica ganho de peso, do nascimento à desmama.

Mercadante e Lôbo (1997), quando estudaram quatro modelos para características de crescimento de fêmeas de um rebanho nelore, concluíram que a não inclusão do efeito genético materno e de ambiente permanente pode superestimar o componente genético aditivo direto e, conseqüentemente, o valor genético dos animais para estas características, proporcionando assim menor ganho genético do que o esperado. A não inclusão do efeito de meio ambiente permanente no modelo, pode ainda, acarretar superestimação do valor genético dos animais para efeito materno, ou mesmo mascarar a diferença deste efeito entre os animais.

O objetivo deste estudo foi estimar os componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos para o peso aos 205 dias de idade (P205), por meio de análises univariadas, utilizando cinco modelos animais, em bovinos da raça Tabapuã, criados na região Nordeste do Brasil.

Material e Métodos

Os 12.181 dados utilizados neste estudo foram provenientes do controle de desenvolvimento ponderal da raça Tabapuã, realizado pela Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ), referentes a animais criados a pasto e nascidos no período de 1965 a 2001, em estados do Nordeste do Brasil.

As estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foram estimadas utilizando-se cinco diferentes modelos univariados, contendo o efeito aleatório genético direto do animal, incluindo ou não o efeito genético materno ou de ambiente permanente, além dos efeitos fixos de grupo de contemporâneos (fazenda, sexo, estação e ano de nascimento do animal) e a covariável idade da vaca ao parto (linear e quadrática).

Os modelos utilizados foram:

- modelo 1 (MA1): efeito genético aditivo direto e materno e efeito de ambiente permanente (mode-

lo animal completo), considerando a covariância genética entre os efeitos direto e materno;

- modelo 2 (MA2): similar ao modelo 1, contudo, considerou-se a covariância genética entre os efeitos direto e materno igual a zero;
- modelo 3 (MA3): efeito genético aditivo direto e efeito de ambiente permanente;
- modelo 4 (MA4): efeito genético aditivo direto e materno, considerando a covariância genética entre os efeitos direto e materno igual a zero;
- modelo 5 (MA5): efeito genético aditivo.

Os modelos propostos são representados, matricialmente, das seguintes formas:

MA1: $y = X\beta + Za + Mm + Wpe + e$, com $\sigma_{am} \neq 0$;

MA2: $y = X\beta + Za + Mm + Wpe + e$, com $\sigma_{am} = 0$;

MA3: $y = X\beta + Za + Wpe + e$;

MA4: $y = X\beta + Za + Mm + e$, com $\sigma_{am} = 0$;

MA5: $y = X\beta + Za$;

em que:

y = vetor de observações da variável dependente (P205);

β = vetor de efeitos fixos no modelo, associados a y através da matriz de incidência X ;

a = vetor dos efeitos aleatórios de valor genético aditivo direto do animal, associados a y através da matriz de incidência Z ;

m = vetor dos efeitos aleatórios de valor genético aditivo materno, associados a y através da matriz de incidência M ;

pe = vetor dos efeitos aleatórios de ambiente permanente da vaca, associados a y através da matriz de incidência W ;

e = vetor dos efeitos residuais aleatórios.

σ_{am} = covariância genética entre efeito direto e efeito materno;

As estimativas dos componentes de (co)variância foram obtidos pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita Livre de Derivadas (DFREML), utilizando o programa MTDFREML (Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood), desenvolvido por Boldman et al. (1993).

OMTDFREML utiliza um algoritmo simplex para localizar o mínimo de $-2 \log L$ (L = função de verossimilhança) em modelos com múltiplos parâmetros. Os componentes de (co)variância que minimizam a função $-2 \log L$ são estimativas de máxima verossimilhança. O critério para convergência utilizado foi de 10^{-9} .

A determinação da superioridade de um modelo sobre o outro foi verificada por meio da dife-

rença entre os logaritmos das funções de verossimilhança ($\log L$), que testa a significância da inclusão alternada dos efeitos aleatórios e, conseqüentemente, identifica o modelo capaz de melhor ajustar os dados, com o menor número possível de parâmetros. Para isso, foram obtidos desvios dos referidos logaritmos, oriundos de modelos que diferiram em apenas um efeito. Estes desvios foram, então, multiplicados por dois, constituindo o λ que, por sua vez, foi comparado ao valor na tabela de qui-quadrado (χ^2), com um grau de liberdade, em nível de 95% de probabilidade, conforme descrito a seguir (DOBSON, 1990):

$\lambda = 2 (\log \text{likelihood do modelo [b]} - \log \text{likelihood do modelo [a]})$

Se $\lambda \geq \chi^2_{1,0,95}$ aceita-se o modelo [b]

Se $\lambda < \chi^2_{1,0,95}$ aceita-se o modelo [a]

Em que a é o modelo com n parâmetros e b é o modelo com $n + 1$ parâmetros.

Resultados e Discussões

As estimativas dos componentes de variâncias e as herdabilidades nos diversos modelos utilizados são apresentadas nas Tabelas 1 e 2. As variâncias aditivas diretas estimadas pelos modelos MA1 e MA2 foram, respectivamente, 77,59 e 74,33, levando a valores semelhantes de herdabilidade direta ($0,17 \pm 0,04$ e $0,17 \pm 0,03$). Os coeficientes de herdabilidade materna foram $0,10 \pm 0,04$ e $0,09 \pm 0,03$ para MA1 e MA2, respectivamente (Tabela 2). Ferraz Filho (2001), estudando animais da raça Tabapuã, em todo Brasil, utilizando modelo semelhante ao MA1, relatou herdabilidade direta de 0,16 e materna de 0,10.

No modelo que não incluiu o efeito materno (MA3), ficou evidenciada a superestimativa da variância aditiva e do efeito de ambiente permanente, fato que influenciou o valor da herdabilidade direta (Tabela 2) e principalmente o valor do efeito de ambiente permanente (Tabela 2). Este resultado indica que quando não se inclui o efeito materno na análise, parte da variância materna é estimada como efeito de ambiente permanente da vaca, fato que também foi relatado por Ferraz Filho (2001). Por outro lado, a não inclusão do efeito de ambiente permanente (MA4) superestimou a variância materna e, conseqüentemente, o valor de sua herdabilidade (Tabela 2).

Quando se incluiu apenas o efeito aditivo direto no modelo, este ficou superestimado, ocasionando uma herdabilidade aproximadamente 2,3 vezes maior que a do modelo completo (Tabela 2). Os modelos que tiveram as menores variâncias residuais (MA3 e MA5), também obtiveram os menores logaritmos da função de verossimilhança (Tabela 1).

Tabela 1 - Estimativas dos componentes de covariâncias (kg²) para peso aos 205 dias de idade (P205).

	MA1 ¹	MA2	MA3	MA4	MA5
σ_p^2	449,89	449,47	452,43	449,55	470,71
σ_a^2	77,59	74,33	92,20	71,69	181,72
σ_m^2	44,77	39,09	-	63,85	-
σ_{pm}^2	28,00	28,36	61,08	-	-
σ_e^2	305,83	307,69	299,15	314,01	288,99
σ_{am}	-6,22	0	-	0	-
Log	-26.739,5	-26.739,6	-26.746,3	-26.742,2	-26.775,9

¹ MA1 = modelo completo com efeito genético direto, genético materno, de ambiente permanente e covariância genética entre efeito direto e materno; MA2 = igual a MA1, com $\sigma_{am} = 0$; MA3 = modelo com efeito direto e de ambiente permanente; MA4 = com efeito direto e materno, sem covariância entre estes efeitos; MA5 = somente com efeito genético direto, σ_p^2 ; σ_a^2 ; σ_m^2 ; σ_{pm}^2 ; σ_e^2 ; σ_{am} ; log = componentes de variância fenotípica, genética aditiva direta, genética aditiva materna, devida ao ambiente permanente, residual, covariância genética entre os efeitos aditivos direto e materno, log da função de verossimilhança, respectivamente.

Conforme revisão elaborada por Lôbo et al. (2000a), utilizando 59 referências de bovinos de corte criados nos trópicos, a herdabilidade direta média é

Tabela 2 - Estimativas dos parâmetros genéticos para peso aos 205 dias de idade (P205).

	MA1 ¹	MA2	MA3	MA4	MA5
h_a^2	0,17 ± 0,04	0,17 ± 0,03	0,20 ± 0,04	0,16 ± 0,03	0,39 ± 0,03
h_m^2	0,10 ± 0,04	0,09 ± 0,03	-	0,14 ± 0,02	-
r_{am}	-0,11 ± 0,23	-	-	-	-
\hat{C}^2	0,062 ± 0,003	0,063 ± 0,003	0,14 ± 0,02	-	-
E^2	0,68 ± 0,03	0,68 ± 0,03	0,66 ± 0,03	0,70 ± 0,03	0,61 ± 0,03

¹ MA1 = modelo completo com efeito genético direto, genético materno, de ambiente permanente e covariância genética entre efeito direto e materno; MA2 = igual a MA1, com $\sigma_{am} = 0$; MA3 = modelo com efeito direto e de ambiente permanente; MA4 = com efeito direto e materno, sem covariância entre estes efeitos; MA5 = somente com efeito genético direto, h_a^2 ; h_m^2 ; r_{am} ; \hat{C}^2 e E^2 = herdabilidade direta, herdabilidade materna, correlação genética entre os efeitos diretos e maternos, proporção da variação fenotípica devido ao ambiente permanente e porção da variância fenotípica devido ao resíduo, respectivamente.

de 0,30. Oliveira (1987), utilizando 31 referências com zebuínos, relatou herdabilidade média de 0,26, com uma amplitude de 0,04 a 0,80. Deve-se salientar que a maioria dos trabalhos para estimativa de herdabilidade aditiva direta não considerava o efeito materno e de ambiente permanente, fato que, provavelmente, superestimou o valor da herdabilidade direta para o peso ao desmame.

Quando se compararam os modelos 3 e 4 com o modelo 2, conforme a metodologia descrita, verificaram-se diferenças significativas entre estes em nível de 5% de significância. Quando se admitiu 1% de significância, o modelo 4 (MA4) não diferenciou estatisticamente do modelo 2 (MA2).

A utilização do modelo 2 (MA2) é uma boa estratégia, pelo fato de considerar os efeitos aditivos direto e materno e o de ambiente permanente, além de desconsiderar a covariância entre os efeitos direto e materno. Explicar biologicamente o antagonismo entre os efeitos diretos e maternos não é fácil, por outro lado, a estrutura dos dados muitas vezes não favorece à estimativa correta da covariância entre estes efeitos (Malhado et al., 2003). Por isso, diversos pesquisadores utilizam a recomendação de Lôbo et al. (2000b) de utilizar covariância igual a zero entre os efeitos genéticos direto e materno.

Ao observar o modelo MA1, verificou-se correlação de $-0,11 \pm 0,23$ entre os efeitos direto e materno. A herdabilidade direta e o componente de ambiente permanente se mostraram semelhantes nos MA1 e MA2, enquanto que a herdabilidade materna apresentou diferença praticamente insignificante.

Este resultado corrobora com o relatado por Malhado et al. (2003), quando concluíram que a consideração da covariância, entre os efeitos direto e materno não altera o resultado da estimativa dos parâmetros genéticos, ao mesmo tempo em que a estimativa desta correlação é pouco confiável, devido ao alto valor do erro padrão.

Segundo Fries (1995), é necessário pensar em quais genes teriam efeitos pleiotrópicos sobre estas duas funções animais: crescimento e produção de leite. O autor

questiona que talvez os únicos genes comuns e necessários são os que influenciam na adaptação geral, na eficiência de aproveitamento dos alimentos e na eficiência metabólica de utilização destes nutrientes. Portanto, se isto for verdadeiro, a correlação genética deveria ser positiva e assim seria possível explicar porque o gado leiteiro com forte pressão seletiva, por um longo período de tempo, para produção de leite, como o Holandês, apresenta altas taxas de crescimento em condições favoráveis. Fries (1995) frisou que se biologicamente a correlação for negativa, fica difícil explicar esta realidade.

Schaffer (1996) demonstrou que a correlação genética negativa entre efeitos diretos e maternos pode ser resultado da estimativa do efeito materno como função linear do efeito direto quando existem touros que não possuem filhas desmamando produtos. Esses touros apresentam correlação entre os efeitos direto e materno igual a menos um (-1), porque não existe nenhuma observação ou dado real para estimar este efeito materno, sendo função apenas do efeito direto.

O modelo animal 5 (MA5) considerou apenas o efeito aditivo direto, e como era de se esperar, superestimou o mesmo, e se utilizado na prática, ocasionaria valores genéticos exagerados e viciados. Este é o modelo que traz as maiores diferenças, e portanto, deve ser evitada a sua utilização.

Mercadante e Lôbo (1997) encontraram, em seus estudos, diferenças significativas quando não incluíram um dos efeitos (efeito materno e/ou ambiente permanente), porém, todos os modelos superestimaram o efeito aditivo, caso que não ocorreu neste estudo no MA4.

Conclusões

Para os dados avaliados, não há diferenças significativas quando se comparam dois modelos completos (efeito aditivo direto, aditivo materno e de ambiente permanente) e em um deles se considera igual a zero a covariância entre os efeitos direto e materno.

Quando não se considera um ou mais efeitos (materno e/ou de ambiente permanente) no modelo, têm-se diferenças significativas que poderão alterar as estimativas dos valores genéticos.

Referências Bibliográficas

BOLDMAN, K. G.; KRIESE, L. A.; VAN VLECK, L. D. **A Manual for Use of MTDFREML**: A set of programs to obtain estimates of variance and (co) variance [Draft]. Lincoln: U. S. Department of Agriculture, Agriculture Research Service, 1993. 115p.

DOBSON, A. J. **An introduction to generalized linear models**. Melbourne: Chapman and Hall, 1990. 174p.

ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; SILVA, P. R. Estimativa simultânea de parâmetros genéticos para características de importância econômica na raça Nelore, com a utilização de modelos animais. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33., 1996, Fortaleza. **Anais...** Fortaleza: SBZ, 1996. p. 99-101.

FERNANDES, H. D.; FERREIRA, G. B. Estudo comparativo de sete modelos estatísticos para a característica ganho de peso em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 29, n. 5, p.1340-1348. 2000.

FERRAZ FILHO, P. **Avaliação genética do desenvolvimento ponderal de bovinos da raça Tabapuã no Brasil**. 2001. 135 f. Tese (Doutorado em Genética) – Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2001.

FRIES, L. A. **Diferenças em diferenças esperadas na progênie (DEP) e em certificados de produção**. Uberaba: Associação Brasileira dos Criadores de Zebu, 1995.

HOHENBOKEN, W. D. Maternal Effects. In: **General and Quantitative Genetics**. Amsterdam: Elsevier Science, p.135-149. 1985.

LOBO, R. N. B.; MADALENA, F. E.; VIEIRA, A. R. Average estimates of genetic parameters for beef and dairy cattle in tropical regions. **Animal Breeding Abstracts**, v. 68, n.6, p. 433-461, 2000a.

LÔBO, R. N. B.; MARTINS FILHO, R.; PENNA, V.M. Genetic parameters for growth traits of zebu cattle in the semi-arid region of Brazil. **Ciência Animal**, v.10, n.1, p.7-12, 2000b.

MAGNABOSCO, C. U.; FAMULA, T. R.; LÔBO, R. B. Estimativas de parâmetros genéticos e de ambiente de características de crescimento em bovinos da raça Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE

BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33., 1996, Fortaleza. **Anais...** Fortaleza: SBZ, 1996. p. 142-144.

MALHADO, C. H. M.; MARTINS FILHO, R.; LÔBO, R. N. B.; JACINTO, E. J.; AZEVEDO, D. M. R.; SOUZA, J. C.; FACÓ, O. Efeito da inclusão da covariância entre os efeitos direto e materno sobre os parâmetros genéticos de ganho de peso pré-desmama e pós-desmama. In: REUNIÃO ANUAL BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41., 2003, SANTA MARIA. **Anais...** Santa Maria: SBZ, 2003. CD-ROM.

MERCADANTE, M. E. Z.; LÔBO, R. B. Estimativas de (co) variâncias e parâmetros genéticos dos efeitos

direto e materno de características de crescimento de fêmeas de um rebanho nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 26, n. 6, p. 1124-1133. 1997.

OLIVEIRA, J. A. **Avaliação genética de pesos e ganhos de pesos do nascimento aos 365 dias de idade de bovinos da raça Guzerá**. 1987. 167 f. Tese (Livre Docência) – Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 1987.

SCHAFFER, L. R. **Tópicos avançados em melhoramento genético animal**. Jaboticabal: FCAV/UNESP, 1996. [Notas do mini-curso].