

A PRODUÇÃO ANIMAL E O FOCO NO AGRONEGÓCIO

42^a Reunião Anual da SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA

25 a 28 de Julho de 2005 - Goiânia, Goiás

INCLUSÃO DA INTERAÇÃO PAI X AVÔ-MATERNO NOS MODELOS PARA A ESTIMATIVA DE (CO)VARIÂNCIAS E AVALIAÇÃO GENÉTICA DO CRESCIMENTO PRÉ-DESMAMA EM GADO NELORE¹

ARCADIO DE LOS REYES BORJAS², MAURICIO. A. ELZO³, ANA CHRISTINA SANCHES⁴, RAYSILDO B. LÔBO⁵, LUIZ A. F. BEZERRA⁵

¹ Apoio financeiro da CAPES. Bolsa Pós-Doutorado do primeiro autor

² Departamento de Produção Animal, Escola de Veterinária, UFG, Goiânia-GO, Brasil

³ Department of Animal Sciences, University of Florida, Gainesville, Florida, USA

⁴ Doutoranda do Curso de Pós-graduação em Ciência Animal, Escola de Veterinária-UFG

⁵ Departamento de Genética, FMRP-USP, Ribeirão Preto-SP, Brasil

RESUMO Pesos padronizados aos 120 (P120) e 240 (P240) dias de idade, de 8.084 bezerros Nelore, de ambos os sexos, criados a pasto, nascidos entre 1987 e 1997 em 31 rebanhos, foram usados para estimar componentes de (co)variância e predições de valores genéticos. O modelo animal misto completo para cada caráter incluiu os efeitos fixos de grupo contemporâneo (rebanho-ano-época-sexo-grupo de manejo) e seis classes de idade da vaca ao parto em anos (2, 3, 4, 5, 6 a 9, 10 e mais), e os efeitos aleatórios genéticos aditivos do animal (direto e maternal), ambiental permanente maternal, interação pai x avô-materno (PAM) e residual. O efeito da interação PAM explicou entre 2,8 e 3,1 % da variância fenotípica, e determinou redução das variâncias direta e maternal e aumento da covariância entre efeitos direto e maternal. As herdabilidades diretas variaram de 0,24 a 0,20 (P120), e 0,24 a 0,19 (P240), e as correspondentes herdabilidades maternas de 0,17 a 0,13 e 0,20 a 0,16. As correlações entre efeitos direto e maternal mudaram de 0,05 a 0,29 (P120), e -0,12 a 0,01 (P240), não indicando antagonismo. A evolução das médias anuais dos valores genéticos indicou escasso ou nenhum progresso no período analisado, especialmente na habilidade maternal. O uso intensivo e por vários anos de um grupo de touros aponta-se como causa importante desse resultado. O efeito da interação PAM e a evolução genética devem ser pesquisados com maior abrangência incluindo dados mais recentes

PALAVRAS-CHAVE interação pai x avô-materno, (co)variâncias maternas, modelo animal

INCLUSION OF SIRE X MATERNAL GRANDSIRE INTERACTION ON MODELS FOR (CO)VARIANCE ESTIMATION AND GENETIC EVALUATION OF PRE-WEANING GROWTH TRAITS IN NELLORE CATTLE¹

ABSTRACT Standardized weights at 120 (P120) and 240 (P240) days of age from 8.084 Nelore calves of both sexes were used to estimate (co)variance components and predictions of breeding values. Calves were born between 1987 and 1997 and raised on pasture in 31 herds. The complete mixed model for each trait included the fixed effects of contemporary group (herd-year-season-sex-management group) and six cow age at calving classes (2, 3, 4, 5, 6 to 9, and 10 years and older cows), and random additive genetic

effects of animal (direct and maternal), maternal permanent environmental, sire x maternal grandsire interaction (PAM) and residual. Inclusion of PAM interaction explained between 2.8 and 3.1 % of the phenotypic variance, and caused a reduction in direct and maternal variances and an increase in direct-maternal covariances. Direct heritabilities decreased from 0.24 to 0.20 (P120), and from 0.24 to 0.19 (P240). Corresponding maternal heritabilities decreased from 0.17 to 0.13 and from 0.20 to 0.16. Direct-maternal genetic correlations increased from 0.05 to 0.29 (P120), and from -0.12 to 0.01 (P240), indicating no antagonism. Trend of annual breeding value means showed scarce or any progress during the analyzed period, particularly on maternal ability. Intensive and extended use of some sires could be a major factor contributing to these results. The PAM interaction effect and the genetic trend must be investigated further on a data base including recent information

KEYWORDS sire x maternal grandsire interaction, maternal (co)variances, animal model

INTRODUÇÃO

Os efeitos não aditivos são comumente ignorados nas avaliações genéticas de bovinos de corte. No entanto, diversos estudos têm demonstrado que tais efeitos são importantes em gado de corte (Rodríguez-Almeida et al., 1995; Duangjinda et al., 2001). A interação pai x avô-materno no modelo, leva em conta parcialmente os efeitos não aditivos, já que representa um dos quatro possíveis grupos de $\frac{3}{4}$ de irmãos, assim, espera-se que contribua para estimativas de (co)variâncias e predições de valores genéticos aditivos mais estáveis e acurados. Rodríguez-Almeida et al. (1995) estimaram variâncias de dominância e aditiva x aditiva para peso e altura na cernelha ao nascer e 205 dias de idade sobre três genótipos de corte. O efeito de dominância explicou entre 11 e 28% da variância fenotípica total nas quatro características, entretanto, a maioria das estimativas da variância aditiva x aditiva foi desprezível. Segundo Groeneveld et al. (1998) constitui pré-requisito fundamental para a avaliação genética multi-caráter o conhecimento da estrutura de (co)variâncias completa das características sob seleção, e que a mesma deve ser estimada conjuntamente e não conformada a partir de resultados de análises de menor dimensão como os bicaráter usados comumente. O objetivo desse trabalho foi determinar a importância da interação pai x avô-materno no modelo misto a ser usado para estimativas de (co)variâncias e predições de valores genéticos do crescimento pré-desmama em gado Nelore.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram analisados pesos padronizados aos 120 (P120) e 240 (P240) dias de idade de bezerros Nelore, de ambos os sexos, criados a pasto, nascidos entre 1987 e 1997 em 31 rebanhos integrantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore-USP. Foi utilizada uma amostra de 8.084 registros obtida a partir de mais de 70.000 animais, a qual incluiu também o peso padronizado aos 456 dias de idade como medida de interesse para a seleção do crescimento pós-desmama e que se assume livre dos efeitos maternos. O processo de edição visou manter uma estrutura dos dados representativa da população estudada e ainda apropriada para a estimativa efetiva da variabilidade devido à interação pai x avô-materno (PAM), impondo, além das consistências comuns, as seguintes restrições: que cada grupo contemporâneo incluísse no mínimo 10 registros, filhos com dados de dois touros (pais) e duas subclasses PAM por touro. O modelo animal misto completo para cada caráter incluiu os efeitos fixos de grupo contemporâneo (rebanho-ano-época-sexo-grupo de manejo) e

seis classes de idade da vaca ao parto em anos (2, 3, 4, 5, 6 a 9, 10 e mais), e os efeitos aleatórios genético aditivo do animal (direto e maternal), ambiental permanente maternal, interação PAM e residual, o qual em forma matricial é: $y = Xb + Z1d + Z2m + Z3p + Z4pam + e$, sendo, y =vetor das observações de cada característica, X =matriz de incidência dos efeitos fixos, b =vetor dos efeitos fixos, $Z1$ =matriz de incidência do efeito genético direto de cada animal, d = vetor de efeitos genéticos diretos aleatórios, $Z2$ =matriz de incidência dos valores genéticos maternais com as progênes, m =vetor de efeitos genéticos maternais aleatórios, $Z3$ =matriz de incidência do efeito de ambiente permanente maternal, p =vetor de efeitos aleatórios do ambiente permanente maternal, $Z4$ =matriz de incidência do efeito da interação pai x avô-materno, pam = vetor de efeitos aleatórios da interação pai x avô-materno, e =vetor de efeitos residuais aleatórios. As suposições dos efeitos aleatórios foram as seguintes: 1) os efeitos genéticos aditivos diretos e maternais distribuem-se com média zero e variâncias A^* , onde A é a matriz de parentesco, σ^2_d é a variância genética aditiva direta, σ^2_m é a variância genética aditiva maternal e σ^2_{dm} é a covariância entre efeitos genéticos aditivos direto e maternal; 2) os efeitos de ambiente permanente maternais p , da interação pai x avô-materno pam e residuais e distribuem-se com média zero e variâncias σ^2_p , σ^2_{pam} e σ^2_e , respectivamente, onde σ^2_p é a variância dos efeitos de ambiente permanente maternais, σ^2_{pam} é a variância da interação pai x avô-materno e σ^2_e é a variância dos efeitos residuais. O aplicativo MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995) foi utilizado para efetuar análises uni e bicaráter para definir os efeitos a serem incluídos nos modelos e dispor de estimativas iniciais para obter (co)variâncias e predições de valores genéticos em conjunto das três características. Nas análises bi e tricaráter foram consideradas as estruturas de (co)variâncias completas. Para as predições de valores genéticos e da interação PAM sobre P120 e P240 foram usadas as componentes de (co)variâncias estimadas na análise tricaráter.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises uni e bicaráter de P120 e P240 mostraram que a inclusão do efeito ambiental permanente maternal (APM) determinou mudanças nas demais (co)variâncias, reduzindo a variância maternal e a covariância negativa entre efeitos direto e maternal, resultados similares aos encontrados na raça Angus por ROBINSON et al. (1996). A distribuição de registros por vaca mostrou que 31,9% tinham dois ou mais filhos na amostra estudada, inviabilizando uma estimativa confiável da variância de APM. Limitação que foi constatada também nos dados base, nos quais 50,3% das vacas apresentam dois ou mais filhos, assim, decidiu-se excluir esse efeito das análises. A interação PAM explicou entre 2,8 e 3,1% da variância fenotípica nas análises uni e bicaráter (P120 e P240), contribuindo significativamente ($P < 0,001$) ao ajuste dos modelos, segundo o teste da razão de verossimilhança que se distribui Qui-quadrado, com um e três graus de liberdade nas comparações uni e bicaráter. Nas análises unicaráter, a interação PAM determinou redução das variâncias direta e maternal e aumento da covariância entre efeitos direto e maternal, ocasionando mudanças das herdabilidades diretas de 0,24 a 0,20 para P120, e de 0,24 a 0,19 para P240, com valores correspondentes das herdabilidades maternais de 0,17 a 0,13 e 0,20 a 0,16. As correlações entre efeitos direto e maternal mudaram de 0,05 a 0,29 para P120, e de -0,12 a 0,01 para P240. Nas análises bicaráter o padrão de mudanças foi similar, embora de menor magnitude.

Não foi encontrado na literatura resultados sobre a interação PAM, no entanto, o efeito da interação touro x rebanho sobre os componentes de (co)variância tem sido estudados, assim, LEE e POLLAK (1997), sobre dados simulados e o peso na desmama da raça Simmental, determinaram que essa interação explicou 3% da variância fenotípica, embora determinou 62% da covariância entre efeitos direto e maternal, reduzindo o valor da correlação de -0,29 para -0,14. Essas evidências e os resultados do presente estudo apoiam a conclusão de ROBINSON (1996), quando sugeriu ser mais provável que as estimativas negativas da covariância entre efeitos direto e maternal sejam conseqüências de variações adicionais entre touros, ou devido à interação touro x rebanho, que evidência de uma verdadeira relação genética negativa entre esses efeitos. Foram obtidas predições de valores genéticos (Dif. Esp. na Prog.-DEP) para efeitos direto e maternal de 20.097 animais incluídos na matriz de parentesco A, assim como estimativas da interação PAM. A evolução das médias dessas predições e estimativas, segundo ano de nascimento, é apresentada na Figura 1, para animais com registro (bezerros, 8.084), pais (touros, 212), mães (vacas, 5.521) e a interação PAM (940 subclasses). As médias para efeito direto nos bezerros (DEPD120B e DEPD240B) apresentaram uma amplitude máxima, nos 11 anos, de aproximadamente 2 e 3 kg respectivamente, acompanhando uma evolução similar das médias individuais dos touros (DEPD120PI e DEPD240PI), com um período francamente negativo até 1990, seguido de valores próximos de zero até 1992, e posteriormente um lento ascenso nos últimos cinco anos, sendo que o valor médio das vacas (DEPD120MI e DEPD240MI) foi negativo ou muito próximo de zero durante os 11 anos. O valor médio dos touros, ponderado pelo número de progênies (DEPD120P e DEPD240P), que expressa o valor esperado nas progênies avaliadas a partir dos pais, mostrou uma tendência crescente um pouco mais acentuada a partir de 1991. Esse padrão caracteriza uma baixa pressão de seleção com escasso direcionamento dos acasalamentos com base nos valores genéticos. O anterior se confirma também nos valores próximos de zero das médias da interação PAM nos 11 anos. A evolução do efeito maternal foi muito pior, com valores negativos o muito próximos de zero nos bezerros (DEPM120B e DEPM240B), touros (DEPM120PI e DEPM240PI) e vacas (DEPM120MI e DEPM240MI) nos 11 anos, o qual deve ser tomado com especial cuidado, pela significativa contribuição da habilidade maternal ao retorno econômico dos rebanhos de corte. Como uma causa desses resultados pode-se apontar que dos 212 pais e 192 avôs maternos, 63 touros, nascidos entre 1974 e 1990, são os mesmos, gerando 44,5% dos bezerros e 52,5% das mães, e constatou-se que 18 % dos pais, representados em 4 a 8 anos, geraram 47% dos bezerros, e 43,2% dos avôs maternos produziram 79,4% das mães, gerando um crescente parentesco na população.

CONCLUSÕES

A interação PAM foi significativa sobre o crescimento pré-desmama e deve ser melhor pesquisada.

A evolução genética caracteriza um escasso progresso e requer estudo minucioso sobre suas causas, incluindo dados posteriores ao período analisado.

Como causa importante desses resultados pode-se apontar o uso intensivo e por vários anos de um grupo de touros, gerando parentesco crescente na população.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. BOLDMAN, K.G.; L.A. KRIESE; L.D. VAN VLECK; C.P. et al., A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances. USDA, ARS, Washington, DC. 1995.
2. DUANGJINDA, J.K.; BERTRAND; I. MISZTAL et al. Estimation of additive and nonadditive genetic variances in Hereford, Gelbvieh and Charolais by Method R. **Journal of Animal Science**., 79: 2997-3001, 2001.
3. GROENEVELD, E.; MOSTERT, B. E., and RUST, T. The covariance structure of growth traits in the Afrikaner beef population. **Livestock. Productio. Science**, 55: 99-107, 1998.
4. LEE, C. End POLLAK, E. J. Relationship between sire x year interaction and direct-maternal genetic correlation for weaning weight of Simmental cattle. **Journal of Animal Science**, 75: 68-75, 1997.
5. ROBINSON, D.L. Estimation and interpretation of direct and maternal genetic parameters for weights of Australian Angus cattle. **Livestock Production Science**., 45: 1-11, 1996.
6. RODRIGUEZ-ALMEIDA, F.A.; VAN VLECK; L. D. WILLHAM; R. L., et al., Estimation of non-additive genetic variances in three synthetic lines of beef cattle using an Animal Model. **Journal of Animal Science**, 73: 1002-1011, 1995.

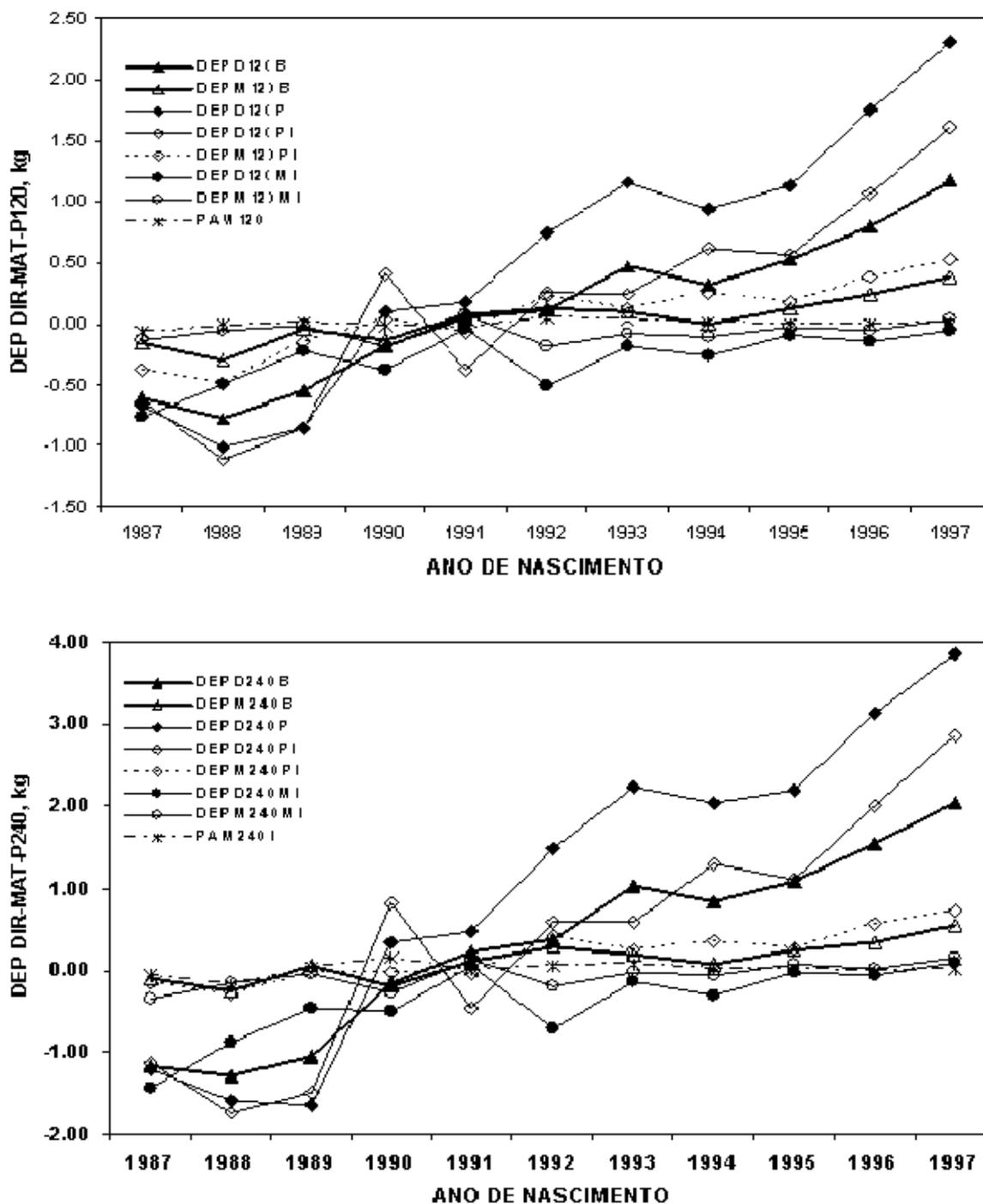


FIGURA 1. Evolução das médias das diferenças esperadas na progênie dos efeitos aditivos direto (DEPD) e maternal (DEPM) por ano de nascimento, para pesos padronizados aos 120 e 240 dias de idade, nos bezerros (B), pais (P = ponderada, PI = individual) e mães (MI = individual), e das estimativas da interação pai x avô-materno (PAM).

FIGURE 1. Trends of mean direct additive (DEPD) and maternal (DEPM) expected progeny differences for standardized weights at 120 and 240 days of age by year of birth for calves (B), sires (P = weighted, PI = individual) and cows (MI = individual), and estimations of sire x maternal grandsire interaction effects (PAM).