

INTERAÇÃO PAI x AVÔ-MATERNO NA ESTIMATIVA DE (CO)VARIÂNCIAS, E ESTUDO DA TENDÊNCIA GENÉTICA DO CRESCIMENTO PRÉ-DESMAMA EM GADO NELORE*

Arcadio de los Reyes¹, Mauricio A. Elzo², Ana Christina Sanches³, Raysildo B. Lôbo⁴, Luiz A. F. Bezerra⁴

*Com apoio financeiro da CAPES

¹Departamento de Produção Animal, Escola de Veterinária, UFG, Goiânia-GO, Brasil, adreyesb@vet.ufg.br

²Department of Animal Sciences, University of Florida, Gainesville, FL 32611-0910, USA, elzo@animal.ufl.edu

³Doutoranda do Curso de Pós-graduação em Ciência Animal, EV-UFG, anacristina@ucg.br

⁴Departamento de Genética, FMRP-USP, Ribeirão Preto-SP, Brasil, rayblobo@genbov.fmrp.usp.br, lafbezer@genbov.fmrp.usp.br

RESUMO

Foram utilizados 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, para estimar componentes de (co)variância e obter predições de valores genéticos. O modelo animal misto completo para cada caráter incluiu os efeitos fixos de grupo contemporâneo (rebanho-ano-época-sexo-grupo-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 poucos touros aponta-se como causa importante desse resultado. O efeito da interação PAM e a evolução genética deve ser pesquisado com maior abrangência, incluindo dados mais recentes.

PALAVRAS-CHAVE: interação pai x avô-materno, (co)variâncias maternas, tendência genética.

SUMMARY

EFFECT OF SIRE × MATERNAL GRANDSIRE INTERACTIONS ON (CO)VARIANCE ESTIMATES AND GENETIC TRENDS FOR PRE-WEANING GROWTH TRAITS IN BRAZILIAN NELLORE CATTLE

Standardized weights at 120 (P120) and 240 (P240) days of age from 8,084 Nelore calves of both sexes were used to obtain estimate of (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 varied 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. Figures of annual breeding value means showed scarce or any progress during the analyzed period, particularly on maternal ability. Intensive use of few sires could be a major factor contributing to these results. The PAM interaction effect and the genetic trend must be investigated further on a database including recent information.

KEY WORDS: sire x maternal grandsire interaction, maternal (co)variances, genetic trend.

INTRODUÇÃO

O modelo genotípico de herança inclui os efeitos aditivos, de dominância e epistáticos (COCKERHAM, 1954). Os efeitos não aditivos são comumente ignorados nas avaliações genéticas de bovinos de corte. Em consequência, tais avaliações são menos acuradas, e a perda de acurácia depende das variâncias dos efeitos não aditivos e da proporção de animais com inter-relacionamento não aditivo (MIZSTAL et al., 1998). No entanto, vários estudos têm demonstrado que os efeitos não aditivos, especialmente a dominância, são relevantes para as características usualmente avaliadas em gado de corte (RODRIGUEZ-ALMEIDA et al., 1995; MIZSTAL et al., 1996, 1998; DUANGJINDA et al., 2001; POLLAK, 2003).

RODRIGUEZ-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 compostos 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. MIZSTAL et al. (1998) determinaram que o efeito da dominância explicou 9,9% da variância fenotípica sobre o ganho médio diário pós-desmama em gado Limousin.

A inclusão da interação pai x avô-materno no modelo leva em conta, ao menos parcialmente, os efeitos não aditivos, assim, espera-se que contribua para estimativas de (co)variâncias e predições de valores genéticos aditivos mais acurados.

Os objetivos deste trabalho foram determinar a importância da interação pai x avô-materno no modelo misto para a estimativa de (co)variâncias, e a tendência genética do crescimento pré-desmama em gado Nelore.

MATERIAIS 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 73.000 animais. O processo de edição visou manter uma estrutura dos dados representativa da população estudada, e ainda apropriada para a estimativa efetiva da variabilidade devida 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 sub-classes PAM por touro. Na Tabela 1 mostram-se estatísticas descritivas da amostra de dados analisada segundo a característica.

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:

$$y = Xb + Z_1d + Z_2m + Z_3pe + Z_4pam + e$$

onde, y = vetor das observações de cada característica,

X = matriz de incidência dos efeitos fixos,

b = vetor dos efeitos fixos,

Z_1 = matriz de incidência do efeito genético direto de cada animal,

d = vetor de efeitos genéticos diretos aleatórios,

Z_2 = matriz de incidência do efeito genético maternal,

m = vetor de efeitos genéticos maternais aleatórios,

Z_3 = matriz de incidência do efeito de ambiente permanente maternal,

pe = vetor de efeitos aleatórios do ambiente permanente maternal,

Z_4 = matriz de incidência do efeito da interação pai x avô-materno,

pam = vetor de efeitos aleatórios da interação pai x avô-materno,

e = vector de efectos residuais aleatórios.

As suposições dos efeitos aleatórios foram as seguintes: 1) os efeitos genéticos aditivos diretos e maternos $\begin{bmatrix} d \\ m \end{bmatrix}$ distribuem-se com média zero e variâncias $A * \begin{bmatrix} \sigma_d^2 & \sigma_{dm} \\ \sigma_{dm} & \sigma_m^2 \end{bmatrix}$, onde A é a matriz de parentesco, σ_d^2 é a variância genética aditiva direta, σ_m^2 é a variância genética aditiva maternal e σ_{dm} é a covariância entre efeitos genéticos aditivos direto e maternal; 2) os efeitos de ambiente permanente maternas pe , da interação pai x avô-materno pam e residuais e distribuem-se com média zero e variâncias $I * \sigma_{pe}^2$, $I * \sigma_{pam}^2$ e $I * \sigma_e^2$, respectivamente, onde σ_{pe}^2 é a variância dos efeitos de ambiente permanente maternas, σ_{pam}^2 é a variância da interação pai x avô-materno, σ_e^2 é a variância dos efeitos residuais, e as I representam matrizes identidade de ordens iguais ao número de mães, número de sub-classes pai x avô-materno e número total de animais com registros, respectivamente.

Foi utilizado o aplicativo MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995) 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 previsões de valores genéticos sobre as duas características.

Em todas as análises foram consideradas as estruturas completas de (co)variâncias. Para as previsões de valores genéticos e da interação PAM sobre P120 e P240 foram usadas as componentes de (co)variâncias estimadas na análise bicaráter.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Estimativas de (co)variâncias. As análises uni e bicaráter sobre P120 e P240 mostraram que a inclusão do efeito ambiental permanente maternal no modelo determinou mudanças nas (co)variâncias de outros efeitos, especialmente reduções das variâncias genéticas direta e maternal e da covariância entre efeitos direto e maternal. Nas análises unicaráter as mudanças das herdabilidades diretas foram de 0,24 a 0,21 para P120, e de 0,20 a 0,18 para P240, com valores correspondentes das herdabilidades maternas de 0,20 a 0,12 e 0,15 a 0,11, respectivamente. As correlações entre efeitos genéticos direto e maternal mudaram de -0,08 a -0,18 para P120, e de 0,22 a -0,04 para P240. Resultados similares foram encontrados por ROBINSON et al. (1996) para pesos ao nascer e a desmama na raça Angus.

O estudo da distribuição do número de registros por vaca mostrou que apenas 49,1 % delas tinha dois ou mais filhos com dados na amostra estudada. Essa limitação foi constatada também nos dados base, sobre mais de 73.000 registros no período de 1976 a 1997, nos quais 50,3% das vacas apresentaram dois ou mais filhos com registros efetivos. Essa estrutura dos dados inviabiliza uma estimativa confiável da variância de ambiente permanente maternal, e provavelmente altere o padrão de influência desse efeito sobre as estimativas dos restantes componentes no modelo.

GERSTMAYR (1992) e MINIATIS e POLLOTT (2003) determinaram que as estimativas de efeitos genéticos direto e maternal e da correlação entre efeitos direto e maternal são altamente dependentes do número de registros por mãe, da existência de suficiente número de mães e avós maternas com dados e do número de gerações presentes nos dados analisados. Assim, limitações na estrutura dos dados poderia ser um dos fatores determinantes da alta correlação genética negativa frequentemente estimada entre efeitos genéticos direto e maternal.

Com base nos resultados prévios decidiu-se excluir o efeito de ambiente permanente maternal das análises definitivas.

O efeito da interação PAM explicou entre 2,8 e 3,1% da variância fenotípica nas análises uni e bicaráter nas duas características (P120 e P240), contribuindo ($P < 0,001$) ao ajustamento dos modelos, segundo o teste da razão de verossimilhança que distribui-se aproximadamente Chi-quadrado, com um e três graus de liberdade nas comparações dos modelos uni e bicaráter respectivamente.

Nas análises unicaráter, a interação PAM determinou redução das variâncias genéticas 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 maternas de 0,17 a 0,13 e 0,20 a 0,16, respectivamente. As correlações entre efeitos genéticos direto e maternal mudaram de 0,05 a 0,29 para P120, e de -0,12 a 0,01 para P240. Na análise bicaráter o padrão de mudanças das (co)variâncias foi similar para ambas as características, embora de menor magnitude.

Não foi encontrado na literatura consultada nenhum resultado sobre o efeito da interação PAM, e seu papel nas estimativas de (co)variâncias dos restantes efeitos do modelo. No entanto, tem-se sugerido que as estimativas negativas da covariância entre efeitos genéticos direto e maternal poderiam ser consequência de variabilidade adicional entre touros, a exemplo da interação touro x rebanho.

A interação touro x rebanho e seu efeito sobre os restantes componentes de (co)variância tem sido estudada em gado de corte (LEE e POLLAK, 1997; ELER et al., 1998; BASCHNAGEL et al., 1999). ELER et al. (1998) em análise bicaráter dos pesos ao nascer e a desmama na raça Nelore, acharam que a interação touro x rebanho explicou 4 % da variância fenotípica do peso ao nascer e determinou uma mudança da herdabilidade direta de 0,39 a 0,26, e da herdabilidade maternal de 0,09 a 0,06, com mudança da correlação entre efeitos direto e maternal de -0,24 a 0,13. Sobre o peso a desmama essa interação explicou 2% da variância fenotípica, e as correspondentes mudanças foram de 0,28 a 0,25, 0,06 a 0,07 e de -0,14 a -0,09, respectivamente.

Esses achados e os resultados do presente estudo sustentam os resultados de ROBINSON (1996), e sua afirmação de que as estimativas negativas da covariância entre efeitos genéticos direto e maternal são mais prováveis que sejam consequência de variabilidade adicional entre touros, que evidência de uma verdadeira relação genética antagonica entre esses efeitos.

A correlação entre efeitos genéticos diretos de P120 e P240 foi de 0,96, e a correspondente entre efeitos maternais de 0,95. As correlações entre efeitos genéticos direto de uma característica e maternal da outra foram positivas e baixas (0,15 e 0,19). A correlação entre efeitos da interação PAM para P120 e P240 foi de 0,73, e a correspondente entre efeitos residuais foi 0,74.

Predições de valores genéticos e tendências genéticas. Foram obtidas predições de valores genéticos (Diferença Esperada na Progenie - DEP) para efeitos direto e maternal sobre 20.097 animais incluídos na matriz de parentesco A, e também da interação PAM. A tendência das médias dessas predições, segundo o ano de nascimento, apresentam-se na Figura 1, para animais com registro (bezerros, 8.084), pais (touros, 181), mães (vacas, 4.756) e a interação PAM (765 subclasses).

As médias para efeito genético direto nos bezerros (DEPD120B e DEPD240B) mostraram uma amplitude máxima, nos 11 anos estudados, de 1,78 kg para P120 (0,14% da média fenotípica por ano) e 3,23 kg para P240 (0,17% da média fenotípica por ano). As médias das predições individuais dos touros (DEPD120PI e DEPD240PI) tiveram um padrão muito similar ao dos bezerros para ambas as características. Os valores médios anuais para o efeito genético direto das vacas (DEPD120MI e DEPD240MI) foram negativos ou muito próximos de zero durante os 11 anos analisados (Figura 1). A tendência das médias anuais correspondentes aos avôs maternos foi superposta à das mães, indicando que no período estudado a escolha e reposição das fêmeas não foram baseadas nos valores genéticos delas próprias ou de seus pais.

Os valores genéticos médios anuais ponderados dos touros (DEPD120P e DEPD240P), que expressam o valor genético esperado nas progênies avaliadas apenas a partir dos pais, mostraram tendência crescente a partir de 1991, seguindo o mesmo padrão das médias para os bezerros. Isto significa que o escasso progresso genético alcançado nesse período deveu-se exclusivamente aos touros, pois as mães tiveram valores genéticos diretos médios negativos ou muito próximos de zero.

Os valores genéticos maternais médios anuais foram negativos ou muito próximos de zero (Figura 1) nos bezerros (DEPM120B e DEPM240B), touros (DEPM120PI e DEPM240PI) e vacas (DEPM120MI e DEPM240MI) no período de 11 anos estudado, resultado que merece especial atenção, pela significativa contribuição da habilidade maternal ao retorno econômico dos rebanhos de corte. Também a tendência dos valores médios maternais dos avôs maternos foi coincidente com a observada para as mães.

Os resultados prévios caracterizam um processo de seleção-acasalamento sob baixa pressão seletiva, e escasso direcionamento dos acasalamentos com base nas predições dos valores genéticos. As médias anuais próximas de zero para o efeito da interação PAM sobre as duas características podem considerar-se, também, resultado desse processo, refletindo acasalamentos basicamente ao acaso.

Entre os fatores que poderiam ter contribuído ao escasso progresso genético alcançado, pode-se apontar que dos 181 pais e 165 avôs maternos, 50 touros, nascidos entre 1974 e 1990, são comuns, produzindo 50,7% dos bezerros e 51,0% das mães, respectivamente. Foi constatado também que os touros presentes entre 4 a 8 anos do período estudado, representaram 33,1% dos pais gerando 61,4% dos bezerros, e 38,2% dos avôs maternos

produzindo 76,9% das mães. Isto, sem dúvida, deve ter determinado uma taxa crescente de parentesco, e conseqüentemente uma elevada proporção de indivíduos consangüíneos na população. Os resultados de SCHENKEL et al. (2002) e VOZZI (2004) confirmam essa tendência para a raça Nelore. SCHENKEL et al. (2002) encontraram que a taxa anual de consangüinidade foi crescente, particularmente após 1980, sendo que a proporção de animais consangüíneos aumentou rapidamente ao longo dos anos, tendo chegado a 60% em 1999.

CONCLUSÕES

O efeito da interação PAM foi significativo sobre o crescimento pré-desmama e deve ser estudado com maior abrangência, para o qual seria necessário o aprimoramento das informações genealógicas pelo lado materno.

A tendência genética observada caracteriza um escasso progresso no crescimento até a desmama, em particular da habilidade maternal, o qual requer estudo minucioso sobre suas causas, incluindo outras características de interesse econômico e dados posteriores ao período analisado.

Entre os fatores que poderiam ter contribuído ao escasso progresso genético alcançado pode-se apontar o uso por vários anos de um reduzido grupo de touros.

REFERÊNCIAS

- BASCHNAGEL, M.B.; J. MOLL and N. KÜNZI. Comparison of models to estimate maternal effects for weaning weight of Swiss Angus cattle fitting a sire x herd interaction as an additional random effect. **Liv. Prod. Sci.**, 60: 203-208, 1999.
- BOLDMAN, K.G.; L.A. KRIESE; L.D. VAN VLECK; C.P. VAN TASSELL and S.D. KACHMAN. 1995. A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances. USDA, ARS, Washington, DC.
- COCKERHAM, C.C. An extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariances among relatives when epistasis is present. **Genetics**, 39: 859-882, 1954.
- DUANGJINDA, J.K.; J.K. BERTRAND; I. MISZTAL and T. DRUET. Estimation of additive and nonadditive genetic variances in Hereford, Gelbvieh and Charolais by Method R. **J. Anim. Sci.**, 79: 2997-3001, 2001.
- ELER, J.P.; J.B.S. FERRAZ; B.L. GOLDEN and P.R. SILVA. Effect of sire x herd interaction in estimation of (co)variance components in Nelore cattle. **Proc. 6th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Armidale, Australia**, 25: 165-168, 1998.
- GERSTMAYR, S. Impact of the data structure on the reliability of the estimated genetic parameters in an animal model with maternal effects. **J. Anim. Breed. Genet.**, 109: 321-336, 1992.
- LEE, C. and E.J. POLLAK. Relationship between sire x year interaction and direct-maternal genetic correlation for weaning weight of Simmental cattle. **J. Anim. Sci.**, 75: 68-75, 1997.
- MINIATIS, N. and G.E. POLLOTT. The impact of data structure on genetic (co)variance components of early growth in sheep, estimated using an animal model with maternal effects. **J. Anim. Sci.**, 81: 101-108, 2003.
- MIZSTAL, I.; R.L. FERNANDO; M. GROSSMAN; T.J. LAWLOR and M. LUKASZEWICZ. Nonadditive (Nicking) effects in genetic evaluation. 1996 Annual Report (pp. 121-126). Disponível: http://www.ads.uga.edu/annrpt/1996/96_121.htm. Acessado 20 Jan. 2005.
- MIZSTAL, I.; L. VARONA; M. CULBERTSON; N. GENGLER; J.K. BERTRAND; J. MARBY; T.J. LAWLOR and C.P. VAN TASSELL. Studies on the value of incorporating effects of dominance in genetic evaluations of dairy cattle, beef cattle, and swine. **Proc. 6th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Armidale, Australia**, 25: 513-516, 1998.
- POLLAK, E. J. Thoughts on future directions in genetic evaluation of beef cattle. The John M. Airy Beef Cattle Symposium, Visions for genetic and breeding. 15-17 May 2003, Iowa State University, USA.
- ROBINSON, D.L. Estimation and interpretation of direct and maternal genetic parameters for weights of Australian Angus cattle. **Liv. Prod. Sci.**, 45: 1-11, 1996.
- RODRIGUEZ-ALMEIDA, F.A.; L.D. VAN VLECK; R.L. WILLHAM and S.L. NORTH CUTT. Estimation of non-additive genetic variances in three synthetic lines of beef cattle using an Animal Model. **J. Anim. Sci.**, 73: 1002-1011, 1995.

- SCHENKEL, F.S.; D.R. LAGIOIA; J. RIBOLDI. Níveis de endogamia e depressão endogâmica no ganho de peso de raças Zebuínas no Brasil. *IV Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal*, SBMA, 2002. Disponível em: <http://www.sbmaonline.org.br/anais/iv/ivt08bc.pdf>. Acessado 29 Out. 2004.
- VOZZI, P.A. Análise da estrutura e variabilidade genética dos rebanhos do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore. Dissertação (Mestrado), Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, 2004.

Tabela 1. Estatísticas descritivas da amostra de dados analisada segundo a característica
 Table 1. Descriptive statistics of analyzed sample data by trait

| Caráter^a | N. Obs. | Média(kg) | DP(kg)^b | GC^b | Pais | Mães | AM^b | PAM^b |
|----------------------------|----------------|------------------|---------------------------|-----------------------|-------------|-------------|-----------------------|------------------------|
| P120 | 7.545 | 124,0 | 20,0 | 238 | 162 | 4.288 | 154 | 693 |
| P240 | 6.142 | 193,0 | 32,9 | 207 | 153 | 3.587 | 136 | 604 |

^a Pesos padronizados aos 120 (P120) e 240 (P240) dias de idade. ^b Desvio padrão (DP), grupos contemporâneos (GC), avôs maternos (AM) e subclasses pai x avô materno (PAM).

^a Standardized weights at 120 d (P120) and 240 d (P240) of age. ^b Standard Deviation (DP), contemporary groups (GC), maternal grandsires (AM) and sire x maternal grandsire subclasses (PAM).

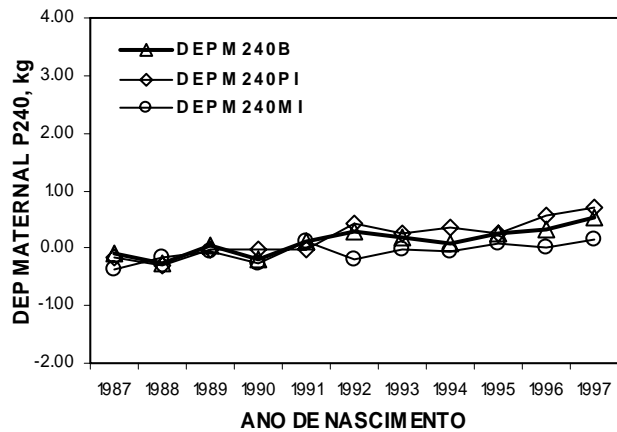
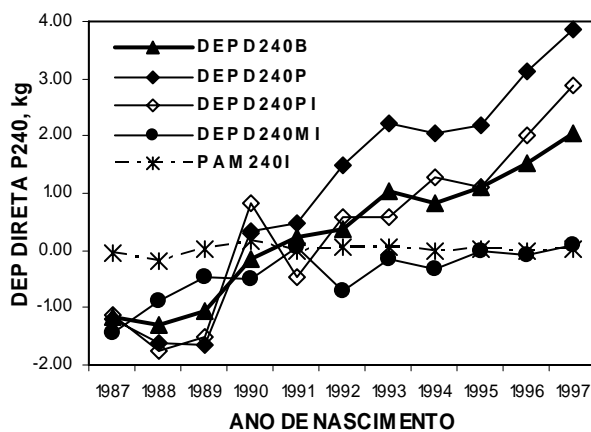
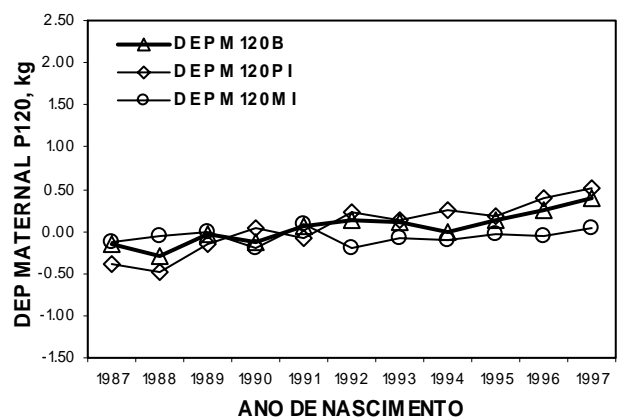
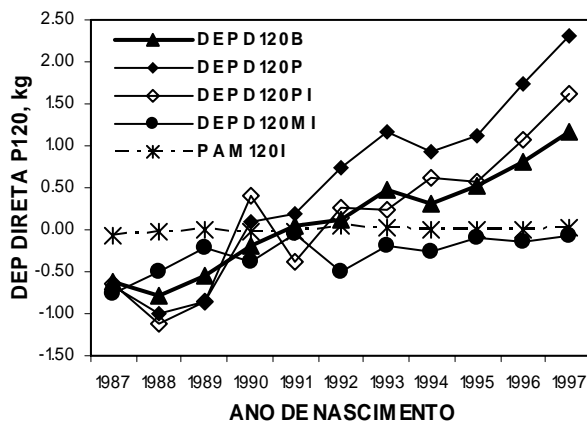


FIGURA 1. Tendência das médias das diferenças esperadas na progênie dos efeitos aditivos direto (DEPD) e maternal (DEPM) por ano de nascimento, para pesos padronizados aos 120 e 240 dias de idade, nos bezerros (B), pais (P = ponderada, PI = individual) e mães (MI = individual), e do efeito da interação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

FIGURE 1. Trends of mean additive direct (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 dams (MI = individual), and of sire x maternal grandsire interaction effects (PAM).