

## **Modelos de posto reduzido na análise de características de crescimento e reprodutivas na raça Nelore**

**FERNANDO AMARILHO SILVEIRA<sup>1</sup>; DANIEL DUARTE DA SILVEIRA<sup>2</sup>; FABIO RICARDO PABLOS DE SOUZA<sup>2</sup>; NELSON JOSE LAURINO DIONELLO<sup>2</sup>; ARIONE AUGUSTI BOLIGON<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>Universidade Federal de Pelotas – [amarillo@zootecnista.com.br](mailto:amarillo@zootecnista.com.br)

<sup>2</sup>Universidade Federal de Pelotas – [silveira1302@gmail.com](mailto:silveira1302@gmail.com)

<sup>3</sup>Universidade Federal de Pelotas – [arioneboligon@yahoo.com.br](mailto:arioneboligon@yahoo.com.br)

### **1. INTRODUÇÃO**

Características de crescimento, indicadoras de eficiência reprodutiva e de qualidade da carcaça são comumente recomendadas como critérios de seleção nos programas de avaliação genética de bovinos de corte. Em termos gerais, as características ligadas à eficiência reprodutiva são as mais importantes economicamente, seguidas de mensurações de crescimento e, por último, de medidas indicadoras de qualidade da carcaça (WILLHAM, 1971). Dessa forma, melhorias no desempenho dos rebanhos poderiam ser obtidas através da seleção para tais características.

Quando são incluídas várias medidas de interesse econômico em avaliações genéticas, diferentes metodologias estatísticas podem ser utilizadas, destacando-se o uso de modelo multi-características, com a vantagem de corrigir para o efeito de descarte não aleatório dos animais, levando em consideração as correlações genéticas e ambientais entre uma mensuração tomada antes da seleção e características obtidas posteriormente (BOLIGON et al., 2009) sendo, dessa forma, uma alternativa para avaliação genética de rebanhos submetidos a seleção em diferentes etapas, como à desmama e ao sobreano.

A inclusão de diversas características simultaneamente na mesma análise apresenta a limitação da dependência de modelos mais complexos, com um número excessivo de parâmetros, o que pode limitar o uso em conjunto de todas as mensurações disponíveis (BOLIGON et al., 2013). Dessa forma, vem sendo desenvolvidos estudos considerando modelos de posto reduzido em nível genético, obtidos a partir de mudanças no modelo multi-características padrão, para o ajuste de componentes principais.

O presente estudo foi desenvolvido com o objetivo de se comparar modelos multi-características padrão e de componentes principais quanto a habilidade de estimação de parâmetros genéticos de características de crescimento e reprodutivas, comumente incluídas nos índices de seleção de bovinos de corte.

### **2. METODOLOGIA**

As medidas fenotípicas e informações de pedigree utilizadas no estudo foram extraídas do arquivo de dados da Agropecuária Jacarezinho Ltda., fazenda localizada em Valparaíso, São Paulo. Utilizaram-se dados de 74.388 animais da raça Nelore, filhos de 1.441 touros e 28.502 vacas, nascidos entre 1993 e 2010. Foram consideradas as seguintes características: peso à desmama (PD) e ao sobreano (PS), altura na garupa à desmama (AD) e ao sobreano (AS), ganho em peso da desmama ao sobreano (GDS), perímetro escrotal (PE) e idade ao primeiro parto (IPP).

Os animais são criados em regime exclusivo de pastagens com suplementação mineral durante o ano, sendo pesados ao nascimento, desmama (205 dias de idade) e ao sobreano (550 dias de idade), quando também é realizada a medida do perímetro escrotal. A IPP, em dias, foi obtida pela diferença entre a data do primeiro parto e a data de nascimento da fêmea. A altura na garupa é obtida utilizando um hipômetro, considerando-se o plano médio entre os íleos, no ponto entre a última vértebra lombar e a primeira sacral, imediatamente antes do osso sacro, até o solo, obtendo a medida em centímetros (cm). O GDS foi obtido pela diferença entre o peso ao sobreano e à desmama.

A Tabela 1 apresenta o número total de animais avaliados para cada característica e em duas características conjuntamente.

Tabela 1 - Número de observações em cada característica estudada (diagonal) e em duas características conjuntamente (triangular superior).

Características <sup>1</sup>	PD	PS	AD	AS	GDS	PE	IPP
PD	74.388	42.674	13.674	13.574	42.536	16.698	13.290
PS		47.591	4.363	13.658	47.283	17.821	13.808
AD			13.729	4.363	4.345	2.821	613
AS				13.667	13.493	5.822	3.338
GDS					47.299	17.729	13.753
PE						17.833	0
IPP							25.554

<sup>1</sup>PD = peso à desmama; PS = peso ao sobreano; AD = altura na garupa à desmama; AS = altura na garupa ao sobreano; GDS = ganho em peso da desmama ao sobreano; PE = perímetro escrotal; IPP = idade ao primeiro parto.

Para a definição dos grupos de contemporâneos (GC) foram realizadas análises estatísticas utilizando o método dos quadrados mínimos, utilizando-se o procedimento GLM (SAS Inst., Inc., Cary, NC). Os GC para PD e AD foram constituídos por rebanho, ano e estação de nascimento, grupo de manejo ao nascimento e à desmama e sexo. Para PS, GDS e AS foram acrescentados ao GC das características até a desmama, o grupo de manejo ao sobreano. Para PE e IPP, o GC foi formado por rebanho, ano e estação de nascimento, grupo de manejo ao nascimento, desmama e sobreano. Além disso, para IPP também foi considerado no GC o tipo de serviço (inseminação artificial ou monta natural). Para todas as características, foram excluídos registros fora dos intervalos dados pela média do GC mais ou menos três desvios-padrão e GC com menos de 4 observações.

Foram realizadas seis análises utilizando o método da máxima verossimilhança restrita sob um modelo animal, considerando-se as sete características simultaneamente, empregando o programa WOMBAT (MEYER, 2006). Primeiramente, utilizou-se um modelo multi-características padrão (MC). Posteriormente, foram avaliados cinco modelos de posto reduzido para a matriz de covariâncias genético-aditivas, ajustando os primeiros 1 (CP1), 2 (CP2), 3 (CP3), 4 (CP4) e 5 (CP5) componentes principais. Foram incluídos, em todos os modelos, os efeitos aleatórios genético aditivo direto e residual, bem como os efeitos fixos do GC. Além desses, para PD e AD, também foram considerados, como aleatórios, os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno. Como covariáveis foram considerados os efeitos linear e quadrático da idade do animal à pesagem (exceto para IPP e GDS) e idade da mãe ao parto. Para a característica GDS foi incluída a covariável número de dias da desmama ao sobreano.

Os modelos foram comparados considerando o logaritmo do máximo da função de verossimilhança ( $\log L$ ) e o critério de informação da informação Bayesiano de Schwarz (BIC), como descrito por SCHWARZ (1978).

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Entre os modelos de rank reduzido (CP), o valor de  $\log L$  aumentou com o aumento no número de componentes principais, sendo mais evidente em modelos ajustando até três componentes (Tabela 2). De acordo com MEYER (2007), quando se utiliza um número reduzido de componentes principais, uma pequena parte da variação genética não é particionada, sendo incluída no componente residual. No presente estudo, as variâncias residuais diminuíram em modelos ajustando um maior número de componentes principais (três, quatro e cinco componentes).

Tabela 2 - Número de parâmetros (np) para os diferentes modelos, logaritmo do máximo da função de verossimilhança ( $\log L$ ), critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC) e proporção da variância genética aditiva direta ( $\lambda$  em %) explicada pelos três primeiros componentes principais.

Modelos <sup>1</sup>	np	$\log L$	BIC	$\lambda_1$ (%)	$\lambda_2$ (%)	$\lambda_3$ (%)
PC1	41	-86,38	23,65	100	0,00	0,00
PC2	47	-38,30	1,63	90,19	9,81	0,00
PC3	52	-5,59	0,00	81,06	16,88	2,06
PC4	56	-4,50	45,24	76,64	16,37	5,74
PC5	59	-2,84	78,98	70,50	12,29	8,99
MC	62	0,00	110,38	69,61	11,92	9,37

<sup>1</sup>MC: modelo multi-características padrão; CPn: modelo ajustando  $n$  primeiros componentes principais; \* valores expressos como desvio do respectivo melhor valor.

De acordo com o critério BIC, o melhor ajuste entre os modelos de CP foi obtido quando se utilizou três componentes (CP3) (Tabela 2). Cabe destacar que tal critério combina a qualidade de ajuste com o grau de complexidade, sendo o modelo escolhido aquele de melhor qualidade, aliada ao menor grau de complexidade.

As herdabilidades direta e materna estimadas em análises de componentes principais e obtidas na análise multi-características padrão foram similares (Tabela 3), indicando que os parâmetros genéticos e residuais são estimados com alta acurácia, mesmo quando são utilizados poucos componentes principais para o efeito genético aditivo direto. Em geral, o modelo CP3 proporcionou correlações genéticas levemente superiores entre as características estudadas, quando comparadas às obtidas com o modelo MC.

A redução no número de parâmetros estimados com o modelo CP3 (52 parâmetros), quando comparado ao modelo MC (62 parâmetros), representa o menor esforço computacional requerido ao se estimar os componentes de covariâncias e, conseqüentemente, na avaliação genética dos animais para as diferentes características. Dessa forma, modelos de componentes principais poderiam ser utilizados nas avaliações genéticas de bovinos de corte, principalmente quando são consideradas, concomitantemente, várias características de importância econômica.

Tabela 3 - Estimativas de herdabilidade direta e materna e respectivos erros padrão (entre parênteses) para o modelo multi-características padrão (MC) e para o modelo ajustando três componentes principais (CP3).

Modelos	Características <sup>1</sup>						
	PD	PS	AD	AS	GDS	PE	IPP
<b>Herdabilidade Direta</b>							
MC	0,34 (±0,02)	0,35 (±0,01)	0,41 (±0,02)	0,45 (±0,01)	0,30 (±0,01)	0,37 (±0,02)	0,19 (±0,02)
CP3	0,33 (±0,01)	0,34 (±0,01)	0,42 (±0,02)	0,46 (±0,01)	0,31 (±0,01)	0,36 (±0,02)	0,19 (±0,02)
<b>Herdabilidade Materna</b>							
MC	0,09 (±0,01)	-	0,06 (±0,01)	-	-	-	-
CP3	0,10 (±0,01)	-	0,07 (±0,02)	-	-	-	-

<sup>1</sup>PD = peso à desmama; PS = peso ao sobreano; AD = altura na garupa à desmama; AS = altura na garupa ao sobreano; GDS = ganho em peso da desmama ao sobreano; PE = perímetro escrotal; IPP = idade ao primeiro parto.

#### 4. CONCLUSÕES

Modelos de posto reduzido podem ser aplicados para a modelagem da estrutura de (co)variâncias genético-aditivas entre características produtivas e reprodutivas, com a vantagem de redução do número de parâmetros a serem estimados quando comparados ao modelo multi-características padrão.

No presente estudo, os três primeiros componentes foram suficientes para explicar a maior parte da variação genética entre os animais.

#### 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BOLIGON, A.A., ALBUQUERQUE, L.G., MERCADANTE, M.E.Z., LOBO, R.B. Heritability and correlations between weights from birth to maturity in Nellore cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.2320–2326, 2009.

BOLIGON, A.A.; BIGNARDI, A.B.; MERCADANTE, M.E.Z.; LOBO, R.B.; ALBUQUERQUE, L.G. Principal components and factor analytic models for birth to mature weights in Nellore cattle. **Livestock Science**, v.152, n.1-2, p.135-142, 2013.

MEYER, K. “WOMBAT” - Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. Proc. 8th World Congr. **Genet. Appl. Livest. Prod.**, Belo Horizonte, Brazil, CD-ROM, 2006.

MEYER, K. Multivariate analyses of carcass traits for Angus cattle fitting reduced rank and factor analytic models. **Journal Animal Breeding Genetics**, v.124, p.50-63, 2007.

SCHWARZ, G. Estimating the dimension of a model. **Annals of Statistics**, v.6, p.461-464, 1978.

WILLHAM, R. L. Purebreeding: achieving objectives. In: BREEDING FOR BEEF, MEAT AND LIVESTOCK COMMISSION NATIONAL CONFERENCE, Peebles. **Proceedings...** v.1, p.15-21, 1971.