



## ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CONVERSÃO ALIMENTAR USANDO INFERÊNCIA BAYESIANA PARA COELHOS CRIADOS EM AMBIENTES DIFERENCIADOS

Alexandre Leseur dos Santos<sup>1</sup>, Cláudio Scapinello<sup>2</sup>, Elias Nunes Martins<sup>2</sup>,  
Fernanda Granzotto<sup>1</sup>

**RESUMO:** O presente trabalho foi desenvolvido no setor de cunicultura da Fazenda Experimental da Universidade Estadual de Maringá, situada no município de Iguatemi, no período de setembro de 2005 a novembro de 2006. Foram avaliados coelhos da raça Nova Zelândia Branco, criados em gaiolas individuais ou coletivas no período de 50 a 70 dias de idade com o objetivo de estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos em teste de desempenho para conversão alimentar de coelhos submetidos a dois ambientes (gaiolas individuais e coletivas), utilizando inferência Bayesiana. Por meio de uma análise bicaráter. No teste de desempenho a herdabilidade para conversão alimentar no ambiente coletivo foi de 0,47 (0,40-0,53) e no individual de 0,60 (0,48-0,69). A correlação genética (0,56) e a correlação fenotípica (0,17) foram positivas quando avaliada a mesma característica em ambientes diferentes demonstrando que os animais têm comportamentos parecidos quando criados em gaiolas coletivas e ou individuais.

**PALAVRAS-CHAVE:** Herdabilidade, Conversão Alimentar, Correlação Genética, Inferência Bayesiana

### 1 INTRODUÇÃO

O desenvolvimento de um material genético superior se dá por meio de programas de melhoramento genético, nos quais são usados planteis de reprodução formados a cada geração a partir da seleção dos animais geneticamente superiores que são multiplicados para formar a próxima geração. A eficiência desse processo é dependente da precisão com que são obtidas as estimativas dos componentes de (co)variância das características e dos critérios de seleção (Martins et al., 1997). Os métodos indicados para a estimação dessas (co)variâncias já estão relativamente bem definidos (Gianola & Fernando, 1986) e as estimativas podem variar de acordo com a população e com o ambiente em que os indivíduos são criados.

Um parâmetro para avaliar a relação entre duas variáveis é a correlação que reflete o grau de associação entre caracteres, utilizando seu conhecimento pode-se estimar a correlação genética entre duas características. Sendo importante porque mostra como a

<sup>1</sup> Doutorando em Zootecnia – Área de Concentração Produção Animal – Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – Universidade Estadual de Maringá (UEM) – Maringá – PR. – [aleseur@universia.com.br](mailto:aleseur@universia.com.br)

<sup>2</sup> Prof. Dr. do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – Universidade Estadual de Maringá (UEM) – Maringá – PR.

seleção para um caráter influencia a expressão de outros caracteres. Nos programas de melhoramento, geralmente, além de se visar o aprimoramento de um caráter principal, busca-se também manter ou melhorar a expressão de outros caracteres simultaneamente.

Muitos pesquisadores têm trabalhado para o aperfeiçoamento dos métodos de estimação destes componentes, e nestes trabalhos algumas metodologias estão sendo mais utilizadas, entre elas está a inferência Bayesiana.

Alguns pesquisadores tem relatados trabalhos para estimação de componentes e parâmetros genéticos com o uso de métodos Bayesianos (Van Tassel & Van Vleck, 1996; Sorensen, 1996; Leandro, 2001; Luo et al., 2001; Luo et al., 2002; Falcão, 2003; Rekaya et al., 2003). A inferência Bayesiana permite avaliar características com conjuntos muito grande de dados e não requerem soluções para as equações de modelos mistos propiciando estimativas diretas e acuradas dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos das características de interesse.

Este trabalho teve como objetivo estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos em teste de desempenho para conversão alimentar de coelhos submetidos a dois ambientes (gaiolas individuais e coletivas), no período de 50 a 70 dias de idade, utilizando metodologia Bayesiana.

## **2 MATERIAL E MÉTODOS**

Os dados analisados neste estudo foram coletados no período de setembro de 2005 a novembro de 2006, no setor de cunicultura da Fazenda Experimental Iguatemi da Universidade Estadual de Maringá.

O experimento iniciou-se com uma população 36 machos e 108 fêmeas da raça Nova Zelândia Branco, tomados ao acaso. Estes foram acasalados e seus descendentes F1's foram criados em gaiolas coletivas ou individuais. Os animais foram desmamados aos 32 dias e criados em ninhada até os 47 dias de idade, a partir deste momento foram alojados em gaiolas individuais (distribuídos por sorteio) e os outros permaneceram em gaiolas coletivas. Aos 50 dias iniciou-se a coleta dos dados, até os animais completarem 70 dias de idade, idade a qual os animais atingem peso de abate, entre 2,0 a 2,5 kg.

Os dados foram analisados por meio do software MTGSAM - Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models (Van Tassel e Van Vleck, 1995) que procede à estimação Bayesiana por meio da técnica de amostragem de Gibbs, para integrar numericamente a função densidade de probabilidade conjunta posterior dos vetores de efeitos fixos e aleatórios e componentes de variância sobre os quais se pretende inferir.

Para a realização das análises foi utilizado um modelo animal que inclui o efeito genético direto. Foi considerado tamanho de ninhada como covariável para todas as características, e ambiente, data de nascimento e sexo como efeitos fixos. Os animais foram separados por grupos genéticos ou grupos de contemporâneos. A conversão alimentar foi considerada em ambientes diferenciados como características distintas, conversão alimentar dos animais criados no ambiente 1 (CA1) e conversão alimentar dos animais criados no ambiente 2 (CA2).

Para o teste de desempenho dos animais, foi realizada uma análise bicaráter, obtendo assim as estimativas para componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos, também como méritos genéticos, para serem utilizados nas respectivas análises de desempenho dos animais avaliados.

Ao final do período experimental foram obtidos dados de performance de 2294 animais dos quais 200 foram criados individualmente e 2094 foram criados em gaiolas coletivas. Desses, os F2's foram 1887 animais. Considerando todos os animais, a matriz de parentesco envolveu 2597 animais. A cada animal foi ofertado água e ração à vontade.

As avaliações genéticas resultaram em méritos genéticos para os animais em cada característica, o que possibilitou o cálculo da correlação genética entre as características avaliadas.

Para realização da análise utilizou-se um tamanho de cadeia de Gibbs de 5.500.000 ciclos com descarte inicial dos primeiros 500.000 ciclos (*burn-in*), com uma amostragem a cada 1.000 ciclos (*thinning interval*) gerando de 5.000 amostras dos componentes de variâncias e valores genéticos para cada animal conforme a característica.

A convergência das cadeias de Gibbs para distribuições estacionárias foi testada por meio dos testes de diagnóstico de Geweke e de Heidelberger & Welch, disponíveis no CODA (*Convergence Diagnosis and Output Analysis*), implementado no programa R (2004). Foram construídos intervalos de credibilidade para todos os componentes de (co)variância estimados.

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas de herdabilidade para a característica conversão alimentar nos dois ambientes avaliados estão descritas na Tabela 1.

As estimativas de herdabilidade para conversão alimentar foram de 0,47 e 0,60 para os ambientes 1 e 2 respectivamente, Garrido (2001) trabalhando com coelhos testados logo após a desmama e criados em gaiolas individuais encontrou herdabilidade para a conversão alimentar de 0,68. Este autor utilizou dados de animais criados em gaiolas individuais e não considerou desempenho de parentes criados em gaiolas coletivas, enquanto que no presente estudo considerou-se os desempenhos das progênes criadas em gaiolas coletivas, além das progênes criadas em gaiolas individuais, o que influenciou na classificação dos progenitores criados no ambiente individual, e no valor da herdabilidade da característica.

TABELA 1: Estimativas de herdabilidade para a característica conversão alimentar (CA) e respectivos intervalos de credibilidade (P=0.9), desvio padrão, e erro padrão nos dois ambientes.

Características	Médias	Intervalo de Credibilidade	Desvio Padrão	Erro Padrão
$h_{CA1}^2$	0,47	0,40 – 0,53	0,0469	0,0010
$h_{CA2}^2$	0,60	0,48 – 0,69	0,0693	0,0015

As correlações genéticas e fenotípicas entre as características nos dois ambientes avaliados estão descritos na Tabela 2.

A correlação genética para conversão alimentar entre os ambientes foi de 0,56 e a correlação fenotípica foi de 0,17, consideradas moderadas, o que sugere que parte dos indivíduos tem comportamento semelhante para conversão alimentar em ambos os ambientes. Porém, alguns indivíduos conseguem adaptar-se ao ambiente diferenciado ou sofrer com esta diferença, isso possivelmente devido à interação que o animal exerce com o ambiente onde ele é mantido.

Uma correlação genética significativa ocorreu entre a conversão alimentar nos dois ambientes avaliados. A seleção para conversão alimentar em algum dos ambientes, para suas proles serem criadas em outro, permite uma resposta significativa, ou seja, selecionando-se animais com base na conversão alimentar em gaiolas individuais, quando suas progênes forem criadas em gaiolas coletivas, elas obteram uma resposta significativa, observando que conversão alimentar em gaiola individual gera um valor

correto para a conversão, ao contrário da conversão alimentar estimada de toda a ninhada, obtida através da divisão do consumo total de alimento da ninhada pelo número de animais na ninhada.

As estimativas para os componentes de variância genética aditiva para conversão alimentar nos dois ambientes foram baixas ou quase nulas.

Analisando os erros padrões descritos nas tabelas 1 e 2, pode-se verificar que os componentes de (co)variância tanto para a característica ganho de peso como conversão alimentar foram estimados com alta precisão.

TABELA 2: Estimativas dos componentes de (co)variâncias genética e fenotípica e respectivos intervalos de credibilidade ( $P=0,9$ ), desvio padrão, e erro padrão para o efeito genético aditivo para as características ganho de peso (GP) e conversão alimentar (CA) nos dois ambientes

(co) Variâncias	Média	Intervalo de Credibilidade	Desvio Padrão	Erro Padrão
<i>Aditiva</i>	-	-	-	-
$\sigma_{CA1}^2$	0,16	0,13 – 0,20	0,0207	0,00046
$\sigma_{CA2}^2$	0,19	0,14 – 0,24	0,0324	0,00073
$\sigma_{CA1 \times CA2}$	0,04	0,007 – 0,073	0,0201	0,00045
<i>Fenotípica</i>	-	-	-	-
$\sigma_{CA1}^2$	0,340	0,318 – 0,357	0,0137	0,0003
$\sigma_{CA2}^2$	0,310	0,261 – 0,353	0,0328	0,0007
$\sigma_{CA1 \times CA2}$	0,055	0,0008 – 0,0956	0,0327	0,0007

#### 4 CONCLUSÃO

Conclui-se que coelhos da raça Nova Zelândia Branco tem comportamentos semelhantes com relação a componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para conversão alimentar quando criados em gaiolas coletivas e ou individuais.

O estudo demonstrou que o teste de desempenho é uma ferramenta adequada para se obter ganhos genéticos na conversão alimentar para coelhos da raça Nova Zelândia Branco criados em ambientes diferenciados.

#### REFERÊNCIAS

FALCÃO, A.J.S. **Heterodasticidade entre os estados para a produção de leite na raça holandesa, via métodos REML e Bayesiano**, 2003. 120p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Estadual de Maringá, 2003.

GARRIDO, D.A.D., **Parâmetros genéticos e fenotípicos para características de desempenho de coelhos da raça Nova Zelândia Branca, usando inferência Bayesiana**. Maringá: Universidade Estadual de Maringá, 2001. 74p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – UEM – Universidade Estadual de Maringá – Maringá-PR, 2001,

GIANOLA, D., & FERNANDO, R. L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal Animal Science**, v. 63: p 217-44, 1986.

LEANDRO, R.A. **Introdução à estatística Bayesiana**. In: REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO DE BIOMETRIA DA SOCIEDADE INTERNACIONAL DE BIOMETRIA (RBRAS), 46 E SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA (SEAGRO), 9. ESALQ/USP, Piracicaba, SP, 51p. 2001.

LUO, M.F.; BOETTCHER, P.J.; SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Bayesian inference for categorical traits with an application to variance component estimation. **Journal of Dairy Science**, v.84, n.3, p.694-704, 2001.

LUO, M.F.; BOETTCHER, P.J.; SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Estimation of genetic parameters of calving ease in first and second parities of Canadian Holsteins using bayesian methods. **Livestock Production Science**. v.74, p.175-184, 2002.

MARTINS, E.N., SILVA, M.A., LOPES, P.S., REGAZZI, A.J., RAGGI, L.A. Desenvolvimento de um sistema para simulação de população de coelhos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.26, n.2, p.272-282, 1997.

R Development Core Team (2004). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.

REKAYA, R., WEIGEL, K.A., GIANOLA, D. Bayesian estimation of parameters of a structural model for genetic covariances between milk yield in five regions of the United States. **Journal of Dairy Science**, v. 86, p.1837-1844, 2003.

SORENSEN, D. **Gibbs sampling in quantitative genetics. Intern report**, n.82, Danish Institute of Animal, Department of Breeding and Genetics, Denmark, 1996.

VAN TASSEL, C. P., VAN VLECK, L. D. A manual for use of MTDGSAM. A set of fortran programs to apply gibbs sampling to animal models for variance component estimation. (DRAFT) Lincoln: Department of Agriculture/ Agricultural Research Service, 1995. 86p.