

AJUSTE DE MODELOS NÃO LINEARES PARA DADOS DE ASSOCIAÇÃO DE GENES CANDIDATOS COM PESO CORPORAL DE BOVINOS DE CORTE

Claudia C. Paro de Paz^{1,2}, Alfredo R. Freitas³, Irineu Umberto Packer²,
Daniela D. Tambasco³, Luciana C. Almeida Regitano³,
Maurício Melo de Alencar³

37

¹Instituto de Zootecnia, Centro de Genética e Reprodução Animal,
² Depto. Produção Animal - Esalq-USP, ³ Embrapa Pecuária Sudeste.

Introdução

A análise de dados longitudinais por meio de ajustamento de uma função que descreva todo o período de vida do animal relacionando peso e idade, tem sido objetivo de inúmeros estudos em diversas áreas da pesquisa. O objetivo deste trabalho foi determinar o modelo não linear que melhor se ajusta a dados de peso e idade de bovinos cruzados, de acordo com os genótipos dos animais para os genes kappa-caseína-*Hinfl* (*CSN3*), hormônio do crescimento-*Alul* (*GH*) e β -lactoglobulina-*HaeIII* (*LGB*).

Material e Métodos

Foram utilizados 196 animais dos quais 70 eram $\frac{1}{2}$ Nelore + $\frac{1}{2}$ Canchim, 64 $\frac{1}{2}$ Nelore + $\frac{1}{2}$ Aberdeen Angus e 62 $\frac{1}{2}$ Nelore + $\frac{1}{2}$ Simental, pertencentes à Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP. As classes genóticas observadas para os polimorfismo dos genes foram LL e LV para GH e AA, AB e BB para CSN3 e LGB. Os grupos genóticos foram obtidos pela concatenação dos três genes. Os dados de 14 mensurações de peso foram coletados ao nascimento, ao desmame (7 meses) e, mensalmente, dos 8 aos 19 meses de idade. Os dados foram ajustados pelos modelos Brody, Logístico Von Bertalanffy, Gompertz e Richards utilizando-se o PROC NLIN (SAS, 2001), para obtenção das estimativas dos parâmetros. O modelo Logístico (Nelder, 1961), $Y_t = A(1 + e^{-kt})^{-m}$, de aspecto sigmoidal, foi o que apresentou o melhor ajuste para estimar o crescimento dos animais em função da idade. Neste modelo, Y_t é o peso corporal, em kg, no instante t, expresso em dias após o nascimento; A é o peso estimado no período final do crescimento (peso assintótico); k é a taxa de maturidade pós-natal e m, a constante que estabelece a forma da curva.

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 são apresentadas as estimativas ($P < 0,05$) dos parâmetros obtidas dos modelos não-lineares. As estimativas de R^2 foram superiores a 96%, indicando boa qualidade do ajuste dos dados ao modelo logístico. Enquanto os parâmetros k e m apresentaram pequenas diferenças entre os grupos genóticos, os valores de A foram divergentes, entre os mesmos, provavelmente em função do crescimento ser influenciado por fatores genéticos e ambientais.

Tabela 1. Estimativas dos parâmetros obtidas pelo modelo Logístico

Grupo Genético	Grupo Genotípico	A ¹	k	m	R ²
Nelore X Canchim	AALLAB	429,2 (5)	0,00665	3,8001	0,9811
	AALLBB	417,5 (5)	0,00698	3,6819	0,9754
	AALVAA	788,5 (6)	0,00451	3,8722	0,9981
	ABLLAA	359,4 (7)	0,00695	3,1421	0,9987
	ABLLAB	446,8 (5)	0,00599	3,3909	0,9659
	ABLLBB	483,5 (5)	0,00571	3,3907	0,9633
	ABLVAA	368,5 (7)	0,00711	3,4045	0,9828
	BBLLAB	450,6 (5)	0,00433	3,0081	0,9985
Nelore X Angus	AALLAA	429,9 (5)	0,00591	3,1549	0,9870
	AALLAB	462,3 (5)	0,00598	3,3647	0,9815
	AALLBB	487,9 (4)	0,00616	3,4177	0,9838
	AALVAB	468,0 (8)	0,00741	4,2694	0,9727
	AALVBB	454,8 (6)	0,00714	4,0263	0,9858
	ABLLAA	469,3 (5)	0,00672	3,6215	0,9813
	ABLLAB	471,9 (5)	0,00567	3,2044	0,9781
	ABLVAB	560,4 (10)	0,00591	3,9079	0,9904
Nelore X Simental	AALLAA	455,7 (5)	0,00728	3,5064	0,9992
	AALLAB	575,9 (5)	0,00467	3,5940	0,9676
	AALLBB	484,8 (5)	0,00608	3,5302	0,9796
	AALVAB	508,5 (5)	0,00633	3,8922	0,9804
	AALVBB	472,6 (4)	0,00599	3,5425	0,9735
	ABLLBB	512,3 (4)	0,00566	3,2489	0,9779
	ABLVAB	407,7 (7)	0,00700	2,9225	0,9981
	ABLVBB	424,8 (5)	0,00624	3,8261	0,9982

¹Entre parênteses é apresentado o número de iterações.

Conclusões

O modelo logístico apresentou boa qualidade de ajuste (R^2 acima de 96%) e ajuste a maioria dos genótipos em estudo, podendo ser utilizado para descrever o crescimento dos animais cruzados $\frac{1}{2}$ Nelore + $\frac{1}{2}$ Canchim, $\frac{1}{2}$ Nelore + $\frac{1}{2}$ Aberdeen Angus e $\frac{1}{2}$ Nelore + $\frac{1}{2}$ Simental.

Referências Bibliográficas

- NELDER, J.A. 1961. The fitting of a generalization of the logistic curve. *Biometrics*, v.17, p.89-110.
- SAS INSTITUTE. 2001. *SAS/STAT User's guide: statistics*, versão 8, v.2, SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.

Agradecimentos

FAPESP, CNPq