

Correlações genéticas entre os índices de seleção e o peso adulto em bovinos da raça Nelore

Ariane Augusti Boligon¹, Roberto Carneiro², Lucia Galvão de Albuquerque^{3,4}

¹Pós-doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal da FCAV/UNESP. Jaboticabal/SP. Bolsista FAPESP. e-mail: arioneboligon@yahoo.com.br

²GenSys Consultores Associados S/S Ltda. e-mail: r.carvalho@gensys.com.br

³Professora titular da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - FCAV/UNESP. Jaboticabal/SP. e-mail: ljalb@fcav.unesp.br

⁴Pesquisadora do CNPq e INCT-CA

Resumo: Foram estimadas correlações genéticas entre os índices de seleção e o peso adulto de fêmeas da raça Nelore, visando verificar se a seleção que vem sendo praticada irá resultar em resposta correlacionada indesejável no peso adulto das matrizes de corte. As tendências genéticas obtidas para os índices de seleção à desmama e ao sobreano e peso adulto também foram estimadas. Foram utilizados dados de 612.244 animais da raça Nelore, nascidos entre 1984 e 2010, pertencentes a diferentes programas de avaliação genética de gado de corte desenvolvidos no Brasil e no Paraguai. As características estudadas foram: índices à desmama (ID) e ao sobreano (IS) e peso adulto (PA). As correlações e valores genéticos foram obtidas por inferência Bayesiana, em análises multi-características. Correlações genéticas positivas e de média magnitude foram estimadas entre o PA e os ID e IS ($0,30 \pm 0,01$ e $0,31 \pm 0,01$, respectivamente). As mudanças genéticas estimadas para o ID, IS e PA, em unidades de desvios-padrão genético/ano, foram de 0,26; 0,27 e 0,01, respectivamente. A seleção com base nos índices permitiu a obtenção de progresso genético para diferentes características à desmama e sobreano, gerando resposta correlacionada mínima no peso adulto.

Palavras-chave: bovinos de corte, inferência Bayesiana, tendência genética

Genetic correlations of selection indices with mature cow weight in Nelore cattle

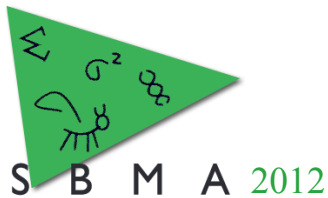
Abstract: Genetic correlations of selection indices with mature weight (MW) of Nelore females were estimated to determine whether current selection practices will result in an undesired correlated response in MW of beef cows. Genetic trends for weaning and yearling indices and MW were also estimated. Data from 612,244 Nelore animals born between 1984 and 2010, which belong to different beef cattle evaluation programs developed in Brazil and Paraguay, were used. The traits studied were weaning and yearling indices and MW. The correlations and genetic values were estimated by Bayesian inference in multi-trait analysis. Genetic correlations between MW and weaning and yearling indices were positive and of medium magnitude (0.30 ± 0.01 and 0.31 ± 0.01 , respectively). The genetic changes in weaning index, yearling index and MW, expressed as units of genetic standard deviation/year, were 0.26, 0.27 and 0.01, respectively. Selection based on the indices used permits to obtain genetic progress in the different weaning and yearling traits and generates only a minimal correlated response in MW.

Keywords: bayesian inference, beef cattle, genetic trends

Introdução

Estudos que relacionam as características comumente incluídas nos índices de seleção e os próprios índices com o peso adulto de bovinos de corte são escassos na literatura. Segundo Boligon et al. (2010), considerando a importância que o tamanho das matrizes representa no sistema de produção de bovinos, o peso adulto deve ser avaliado e monitorado, visando evitar o aumento do tamanho das fêmeas pela resposta indireta à seleção de animais com maior potencial de crescimento. Além disso, o estudo da tendência genética de características sob seleção direta e correlacionadas, ao longo dos anos, permite avaliar o resultado do programa de seleção adotado, auxiliando em um redirecionamento das características incluídas nos índices de seleção, quando necessário.

O presente estudo foi desenvolvido com o objetivo de estimar correlações genéticas entre os índices de seleção e o peso adulto das fêmeas, visando verificar se a seleção que vem sendo praticada em



IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

rebanhos Nelore criados a pasto em condições tropicais, resultaria em resposta correlacionada indesejável no tamanho adulto das matrizes de corte. Além disso, tendências genéticas foram obtidas para avaliar a adequação dos critérios de seleção adotados.

Material e Métodos

Foram utilizados dados de 612.244 animais da raça Nelore, nascidos entre 1984 e 2010, pertencentes a diferentes programas de melhoramento genético de gado de corte, no Brasil e Paraguai, que compõem uma base de dados única denominada como Aliança Nelore. Os animais foram mantidos em pastagens tropicais em 263 diferentes fazendas. As características estudadas foram: índices à desmama (ID) e ao sobreano (IS) e peso adulto (PA).

Os animais são selecionados à desmama e ao sobreano considerando os seguintes índices:

$$ID = [(60 * sDEP_GND) + (8 * sDEP_CD) + (16 * sDEP_PD) + (16 * sDEP_MD)] / 10$$

$$IS = [(23 * sDEP_GND) + (4 * sDEP_CD) + (8 * sDEP_PD) + (8 * sDEP_MD) + (23 * sDEP_GPD) + (4 * sDEP_CS) + (8 * sDEP_PS) + (8 * sDEP_MS) + (14 * sDEP_PE)] / 10$$

em que: ID e IS = índices de seleção à desmama e ao sobreano, respectivamente, expressos na base 10; sDEP_GND = DEP (diferença esperada na progênie) estandarizada (sDEP) do ganho em peso do nascimento à desmama; sDEP_CD = sDEP da conformação na desmama; sDEP_PD = sDEP da precocidade na desmama; sDEP_MD = sDEP da musculatura na desmama; sDEP_GPD = sDEP do ganho em peso da desmama ao sobreano; sDEP_CS = sDEP da conformação no sobreano; sDEP_PS = sDEP da precocidade no sobreano; sDEP_MS = sDEP da musculatura no sobreano; sDEP_PE = sDEP do perímetro escrotal no sobreano. As ponderações consideradas nos índices de seleção são definidas buscando-se um equilíbrio entre as características de carcaça (avaliadas através dos escores visuais de conformação, precocidade e musculatura), velocidade de ganho em peso (expressa em ganho) e o perímetro escrotal (no IS, como indicadora de precocidade sexual). O PA foi definido como medida única de peso mais próxima aos 4 anos de idade.

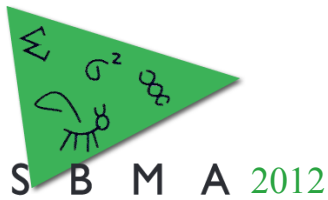
Para o PA, foram considerados os efeitos sistemáticos de grupo de contemporâneos (fazenda, ano de nascimento, ano e mês da pesagem) e os efeitos linear e quadrático da idade do animal à pesagem, como covariável. Foram excluídos registros fora dos intervalos dados pela média do GC mais ou menos três desvios-padrão e GC com menos de quatro observações. Para todas as características estudadas, os efeitos genético aditivo direto e residual foram considerados como efeitos aleatórios.

As correlações e valores genéticos foram obtidas por inferência Bayesiana, em análises multivariadas, utilizando o programa GIBBS2F90 (Misztal et al., 2002). As tendências genéticas foram estimadas utilizando os valores estimados correspondentes às médias dos valores genéticos de cada grupo de animais, dentro de seu respectivo ano de nascimento, ponderadas pelo número de observações.

Resultados e Discussão

As correlações genéticas médias estimadas entre o peso adulto e os índices à desmama ($0,30 \pm 0,01$) e ao sobreano ($0,31 \pm 0,01$) indicam resposta correlacionada indesejável no peso adulto das vacas, devido a seleção para maiores valores de índice. Em geral, esses resultados comprovam que o monitoramento do tamanho das vacas é um desafio a ser enfrentado pelos criadores, já que animais com melhores desempenhos em idades jovens, tendem a apresentar peso adulto mais elevado.

Tendências genéticas favoráveis foram observadas para os índices de seleção à desmama e ao sobreano (0,26 e 0,27 unidades de desvios-padrão genético/ano, respectivamente). A mudança genética estimada para o peso adulto, em unidades de desvios-padrão genético/ano, foi de 0,01, indicando que o mérito genético médio do peso adulto de vacas produtivas apresenta-se estável ao longo dos anos, ou seja, a seleção para maiores valores de índices à desmama e ao sobreano não estaria aumentando, no rebanho estudado, o peso adulto das fêmeas. Uma possível explicação para esse resultado está relacionada ao fato dos criadores serem desencorajados a utilizar touros com elevado valor genético para o índice ao sobreano, mas piores avaliados para escores ao sobreano de precocidade e/ou musculatura em relação ao escore de conformação. Como é possível observar na Figura 1, ao considerar os 20% melhores touros em relação o valor genético para o índice ao sobreano, os touros precoces (com maiores valores genéticos para os escores ao sobreano de precocidade e musculatura em relação à conformação) apresentaram menores valores genéticos médios para o peso adulto, em relação aos touros tardios (com



IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

maiores valores genéticos médios para escores ao sobreano de conformação em relação a precocidade ou musculatura). Além disso, os touros precoces deixaram 68% a mais de filhos na população em relação aos tardios. O descarte de vacas vazias também pode estar contribuindo para a tendência nula do peso adulto, uma vez que maiores pesos adultos estariam associados a menores taxas reprodutivas (Meyer et al., 2004).

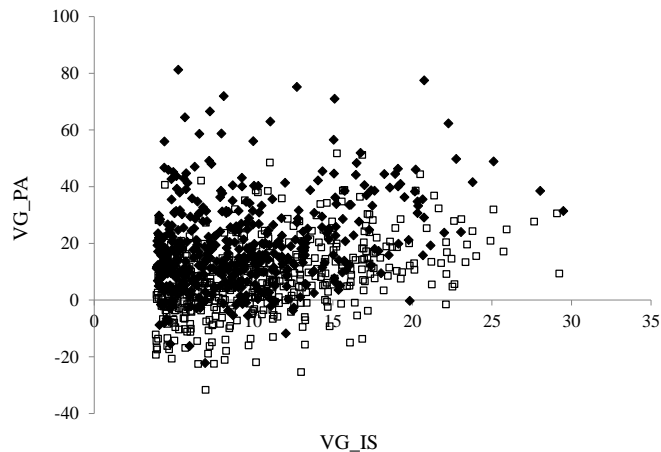


Figura 1. Dispersão de valores genéticos (VG) preditos para o peso adulto (_PA) usando 896 touros (Top20%) para índice ao sobreano (_IS), considerando touros com os melhores VG para escores de precocidade e musculatura ao sobreano em relação a conformação (precoces, □) e touros com os melhores VG para escores de conformação em relação a precocidade e musculatura (tardios, ◆)

Estudando a tendência genética do peso adulto de vacas da raça Hereford, selecionadas com base em um índice contemplando o aumento do peso ao sobreano e diminuição do peso ao nascer, Rumph et al. (2004) relataram incremento de 0,38 kg/ano no peso adulto. Para casos em que a resposta indireta do peso adulto está acima do esperado, a seleção considerando características de interesse econômico ou índices que contemplem tais características, combinadas com diferenças esperadas na progênie para peso adulto, poderá trazer resultados desejáveis no que se refere a melhorias no desempenho produtivo de bovinos de corte. Entretanto, estudos nessa área são escassos e necessários.

Conclusões

A seleção com base em índices que contemplem estas diferentes características em idades jovens, com ponderações adequadas, permite a obtenção de progresso genético sem necessariamente gerar resposta correlacionada indesejável com o peso adulto.

Literatura citada

BOLIGON, A.A.; MERCADANTE, M.E.Z.; FORNI, S.; LOBO, R.B.; ALBUQUERQUE, L.G. Covariance functions for weights from birth to maturity in Nelore cows. **Journal of Animal Science**, v. 88, p.849-859, 2010.

MEYER, K.; JOHNSTON, D.; GRASER, H. Estimates of the complete genetic covariance matrix for traits in multi-trait genetic evaluation of Australian Hereford cattle. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.55, p.195-210, 2004.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE, D.H. BLUPF90 and related programs (BGF90). Proc. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Montpellier, France. Communication No 28-07, 2002.

RUMPH, J.M.; KRESS, D.D.; DAVIS, K. C.; ANDERSON, D.C.; BOSS, D.L. Genetic analysis of mature cow weights in a population of inbred Hereford cattle. Proc. Western Section, American Society of Animal Science, v.55, p.78-81, 2004.