

Tendências genéticas de características de crescimento (pós-desmama) em rebanhos Nelore criados na região do Trópico Úmido do Brasil

Geneildes Cristina de Jesus Santos¹, Thaymisson Santos de Lira¹, Leonardo Sousa Pereira¹, Raysildo Barbosa Lôbo², Fernando Brito Lopes³, Jorge Luís Ferreira⁴

¹Mestrandos do Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal Tropical – UFT/Araguaína. Bolsistas da Capes. e-mail: thayna_india@hotmail.com

²Diretor-Presidente Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores – ANCP. Ribeirão Preto, São Paulo.

³Bolsista PRODOC/Capes, EMBRAPA-Cerrados, Planaltina, Distrito Federal.

⁴Professor adjunto da Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia-UFT/Araguaína. e-mail: jlferreira@mail.uft.edu.br

Resumo: Foram estimadas (co)variâncias, herdabilidades e tendência genética para peso aos 365 (P365), aos 450 (P450) e 550 (P550) dias de idade de bovinos Nelore criados no Trópico Úmido do Brasil, nascidos entre 1993 a 2010. (Co)variâncias e parâmetros genéticos foram estimados pelo MTDREML e tendências genéticas pela regressão dos valores genéticos sobre o ano. As h^2_a foram de $0,41 \pm 0,013$; $0,41 \pm 0,015$ e $0,41 \pm 0,021$ para P365, P450 e P550, respectivamente, sugerindo que parâmetros e tendência genética indicam a existência, embora de baixa magnitude, de progresso genético nos rebanhos da região do Trópico Úmido do Brasil.

Palavras-chave: (co)variâncias, ganho genético, herdabilidade

Phenotypic and genetic trends of post-weaning weight traits in Nelore cattle raised on the Brazil Tropic Humid region

Abstract: We estimated (co) variance, heritability and genetic tendency for weight at 365 (P365) to 450 (P450) and 550 (550) days of age of Nelore cattle raised in the Humid Tropics of Brazil, born between 1993 to 2010. (Co) variances and genetic parameters were estimated by MTDREML and genetic trends by linear regression of breeding values on year. The h^2 were 0.41 ± 0.013 , 0.41 and $0.41 \pm 0.015 \pm 0.021$ for P365, P450 and P550, respectively, suggesting that genetic parameters and trends indicate the existence, although of low magnitude of genetic progress in herds the Humid Tropics region of Brazil.

Keywords: (co)variances, genetic gain, heritability

Introdução

No Brasil, a região do Trópico Úmido é constituída pelos estados do Acre, Amapá, Amazonas, Mato Grosso, Pará, Rondônia, Roraima, Tocantins e parte do Maranhão, e segundo dados do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE) no período 1997/2007, houve um aumento de 78% do efetivo bovino nesta região (IBGE, 2010). Entretanto, esse crescimento nem sempre vem acompanhado de um conhecimento sobre o desempenho produtivo e reprodutivo desses rebanhos, bem como do progresso genético alcançado na população. Assim, objetivou-se estimar (co)variâncias, parâmetros genéticos e prever as tendências genéticas para pesos padronizados aos 365, 450 e 550 dias de idade de bovinos Nelore criados na região do Trópico Úmido do Brasil.

Material e Métodos

Foram utilizadas informações referentes a animais da raça Nelore, nascidos entre 1993 a 2010, criados em rebanhos localizados nos Estados componente da região do Trópico Úmido do Brasil, participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN-ANCP). As características estudadas foram pesos padronizados aos 365, 450 e 550 dias de idade, utilizados como critérios de seleção no PMGRN. Foram realizadas análises de variância utilizando-se PROC GLM (SAS, 2002) para verificar a importância de fontes não genéticas sobre as características em estudo. Consideraram-se os efeitos fixos de sexo e grupos de contemporâneos (GC), formados por meio da

concatenação (SAS, 2002) de fatores não genéticos que afetaram significativamente ($P < 0,001$) as características em estudo como, rebanho, ano, estação de nascimento do animal (agrupadas em quadrimestres).

As análises unicaráter dos pesos pós-desmame (P365, P450 e P550) foram realizadas segundo o modelo reduzido descrito a seguir: $y = x\beta + Za + e$, em que: y = vetor de observações (P365, P450 e P550); β = vetor dos efeitos fixos (grupo de contemporâneos e ordem de parto); a = vetor dos efeitos genético aditivo direto; X = matriz de incidência que associa β com y ; Z é a matriz de incidência dos efeitos genéticos direto; e , e = vetor dos resíduos.

As estimativas de (co)variâncias foram obtidas pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita Livre de Derivadas - DFREML, utilizando-se o aplicativo MTDFREML (Boldman et al., 1995). Para avaliar as tendências genéticas e fenotípicas utilizou-se a regressão das médias anuais dos valores genéticos (aditivo) e dos pesos sobre o ano. Para tanto, utilizou-se o procedimento PROC G3D do Sistema de Análises Estatísticas SAS (2002).

Resultados e Discussão

As médias com seus desvios-padrão para P365, P450 e P550 foram de $231,37 \pm 32,52$; $267,05 \pm 38,28$ e $314,79 \pm 48,28$, respectivamente, indicando que os pesos médios foram superiores quando comparados às demais regiões do Brasil. Santos et al. (2012) em rebanhos Nelore da região Norte do Brasil, que encontraram para peso aos 365 e 550 dias de idade, média de $236,68 (\pm 44,25)$ kg e $306,46 (\pm 61,07)$ kg, respectivamente, sendo similar aos encontrados na presente pesquisa.

As estimativas de herdabilidades diretas e erros-padrão, obtidas em análises unicaracterística, foram de $0,41 \pm 0,013$; $0,41 \pm 0,015$ e $0,41 \pm 0,021$ para P365, P450 e P550, respectivamente. As herdabilidades diretas estimadas foram de magnitude alta, demonstrando alta variabilidade e possibilidade de seleção. Isto implica dizer que os genes que controlam estes pesos contribuíram de forma igual para a variância fenotípica e variância direta.

Assim, esses valores são decorrentes da existência de variabilidade genética no rebanho e não apenas da influência do ambiente nessas características. No entanto, a consequente utilização destas características como critério de seleção pode trazer aumentos no ganho de peso do período correspondente, gerando aumento nos custos de produção. Resultados similares foram reportados por Santos et al. (2012) analisando dados da região Norte do Brasil, que obtiveram estimativas de herdabilidades para pesos pós-desmama da ordem de 0,51 a 0,41, com média de 0,46; e Guidolin et al. (2009) no Estado do Mato Grosso do Sul, que obtiveram estimativas de 0,51, 0,51 e 0,41, com média de 0,47.

A análise das tendências genéticas diretas para os pesos ajustados P365, P450 e P550, respectivamente, estão representadas na Figura 1.

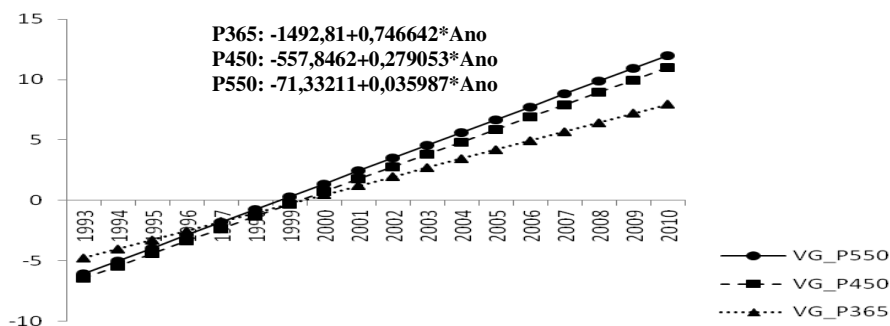
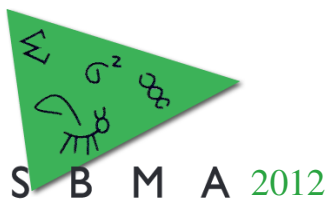


Figura 1- Tendências genéticas para peso padronizado aos 365 dias (P365), peso padronizado aos 450 dias (P450) e peso padronizado aos 550 dias (P550) de idade, em rebanhos Nelore criados na região do Trópico Úmido, Brasil.



IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

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

Os efeitos aditivos direto apresentaram-se crescentes e de magnitude expressiva para as características P365 ($0,551 \text{ kg ano}^{-1}$), P450 ($0,550 \text{ kg ano}^{-1}$), e P550 ($0,631 \text{ kg ano}^{-1}$), apresentando uma taxa de 17,56%, 17,25% e 18,83% da tendência genética média como consequência do efeito genético direto ao longo dos 18 anos estudados.

Da mesma forma, esses percentuais representam incrementos anuais da ordem de 0,24, 0,20 e 0,20% nos pesos médios anuais das características P365, P450 e P550 dias de idade, respectivamente. Assim, as oscilações apresentadas pelas tendências genéticas podem ser decorrentes das variações ao longo dos anos, em relação ao número de reprodutores utilizados, bem como da inserção de novos rebanhos no conjunto de dados. Tal proposição pode ser corroborada pela falta de utilização efetiva e constante de animais com genótipo superior.

De acordo com Smith (1985), para que o haja efetivo progresso genético estes percentuais devem apresentar-se entre 1 e 3% da média da população. Logo, as mudanças genéticas anuais, apresentadas neste estudo, situam-se abaixo destes índices, o que indica a necessidade de utilização e seleção de reprodutores, machos e fêmeas, com genótipos superiores, de forma a melhorar a eficiência produtiva dos rebanhos por meio da seleção de animais mais precoces.

Conclusões

As estimativas de herdabilidade apresentadas indicam existência de variação genética aditiva suficiente para permitir ganhos genéticos por meio da seleção para as características em estudo.

Os ganhos genéticos foram pequenos, devido à forte influência ambiental entre os Estados, e a utilização ineficiente dos critérios de seleção. Há necessidade de se levar em consideração os fatores não genéticos sobre as características produtivas, bem como da utilização de reprodutores, machos e fêmeas, com alto valor genético, assim como, maior rigor pelos programas de melhoramento genético.

Agradecimentos

A ANCP, por ceder o banco genético para a concretização deste trabalho. A CAPES por conceder a bolsa à mestranda.

Literatura citada

- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. 1995. **A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variance and covariances** [DRAFT]. Lincoln: Department of Agriculture/Agricultural Research Service. 120p.
- CAMPÊLO, J. E. G.; LOPES, P. S.; TORRES, R. A. et al. Influência da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da Tabapuã. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 55, n. 6, p. 685-693, 2003.
- DIAS FILHO, M.B.; ANDRADE, C.M.S. **Pastagens no Trópico Úmido**. Belém, Pará: Embrapa Amazônia Oriental, 2006. 31p. (Série Documentos, Nº 241).
- IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produção da Pecuária Municipal**, Rio de Janeiro, v. 38, p.1-65, 2010. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/economia/ppm/2010/ppm2010.pdf>>.
- SAS INSTITUTE. **Statistical Analysis System**: user guide. Version 8. Cary, 2002.