



VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal *São Carlos, SP, 10 e 11 de julho de 2008*

Correlações fenotípicas e genéticas entre pesos e perímetro escrotal em bovinos da raça Pardo Suíço Corte¹

Diego de Córdova Cucco^{2,3}, José Bento Sterman Ferraz³, Joanir Pereira Eler³, Júlio Cesar Carvalho Balieiro³, Elisângela Chicaroni de Mattos³, Roulber Carvalho Gomes da Silva³, Minos Esperândio Carvalho³, Saulo da Luz Silva³

¹Parte da dissertação de mestrado do primeiro autor, financiada pela FAPESP (processo 05/58392 - 5)

^{2,3}Doutorando do Programa de Pós-graduação em Zootecnia – USP/FZEA.

e-mail:diegocucco@yahoo.com.br

³Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia, Departamento de Ciências Básicas da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, Pirassununga-SP

Resumo – O presente estudo foi conduzido visando conhecer a relação genética entre características de desenvolvimento ponderal e perímetro escrotal na raça Pardo Suíço Corte. Foram estimadas as correlações fenotípicas a partir do procedimento CORR do sistema SAS e as correlações genéticas por máxima verossimilhança restrita com o software MTDFREML em análises bi-características. Foram estudados os pesos ao nascimento (PN, N = 10.572), aos 120 dias (P120, N = 6.920), aos 205 dias (P205, N = 8.608), aos 365 dias (P365, N = 4.055), aos 450 dias (P450, N = 3.453) e aos 550 dias (P550, N = 1.946), além do perímetro escrotal aos 205 dias (PE205, N = 1.315), aos 365 dias (PE365, N = 1.197) e aos 550 dias (PE550, N = 693). Não foram encontradas correlações genéticas importantes entre pesos e perímetros escrotais; portanto a seleção para qualquer uma das características estudadas não influenciará significativamente no resultado das demais.

Palavras-chave: bovinos de corte, crescimento, desempenho ponderal

Phenotypic and genetic correlation between weights and scrotal circumference in Braunvieh cattle raised in Brazil

Abstract – With the aim of to know the genetic relationship between weight characteristics and scrotal circumference in Braunvieh cattle this study was realized. Phenotypic correlations were estimated with the CORR procedure of the SAS system and the genetic correlations estimated by free restrict maximum likelihood with the software MTDFREML in bivariated analyses. They were studied the weights at birth (PN, N = 10.572), at 120 days (P120, N = 6.920), at 205 days (P205, N = 8.608), at 365 days (P365, N = 4.055), at 450 days (P450, N = 3.453) and at 550 days (P550, N = 1.946), and the scrotal circumference at 205 days (PE205, N = 1.315), at 365 days (PE365, N = 1.197) and at 550 days (PE550, N = 693). Significant genetic correlations were not found between weights and scrotal circumference, therefore the selection for any of the studied characteristics won't influence significantly in the result of the others.

Keywords: beef cattle, growth

Introdução

Modernos programas de melhoramento genético de bovinos de corte devem incluir características reprodutivas além do desempenho ponderal. A característica reprodutiva mais comumente encontrada nos programas de avaliações genéticas é o perímetro escrotal, devido à sua facilidade de mensuração e à sua correlação favorável com a fertilidade tanto em fêmeas quanto em machos.

A partir da inclusão nos critérios de seleção do perímetro escrotal este deve ser estudado detalhadamente. O conhecimento das correlações genéticas e fenotípicas entre o perímetro escrotal e os pesos mensurados em diferentes idades é fundamental para a condução adequada do programa de melhoramento, pois isso possibilita realizar a seleção dos animais conhecendo os possíveis resultados correlacionados na seleção para outras características, os quais dependem da magnitude das correlações genéticas entre as características.

O objetivo deste trabalho foi estudar as correlações genéticas e fenotípicas entre diversos pesos e perímetros escrotais, mensurados em diferentes idades na raça Pardo Suíço Corte, possibilitando assim o melhor delineamento do programa de seleção da raça no país.

Material e Métodos

Foram utilizados dados provenientes da Associação Brasileira de Criadores de Gado Pardo Suíço - ABCGPS, os quais são armazenados e analisados pelo Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo (GMAB - FZEA/USP).

O banco de dados utilizado continha informações de 28 fazendas num total de 18.688 animais com registros de produção. O banco de pedigree contou com 35.188 animais (369 pais e 12.284 mães), incluídos animais puros e cruzados.

Foram analisadas as correlações fenotípicas e genéticas entre as seguintes características com o seu respectivo número de observações, peso ao nascimento (PN, N = 10.572), aos 120 dias (P120, N = 6.920), aos 205 dias (P205, N = 8.608), aos 365 dias (P365, N = 4.055), aos 450 dias (P450, N = 3.453) e aos 550 dias (P550, N = 1.946) e ainda o perímetro escrotal aos 205 dias (PE205, N = 1.315), aos 365 dias (PE365, N = 1.197) e aos 550 dias (PE550, N = 693). A formatação dos dados de pesos e perímetros escrotais em diferentes idades foi descrita em detalhes por Cucco (2008).

Foram considerados os efeitos fixos de grupo de contemporâneos, incluindo fazenda, sexo, safra e estação, a classe de idade da mãe ao parto e o tipo do animal ao nascimento (transferência de embrião ou não). As covariáveis incluídas foram a heterozigose do animal e a de sua mãe, bem como a idade do animal à mensuração. Para as características de pesos foram incluídos os efeitos aleatórios, genético aditivo direto e materno, efeito de ambiente permanente da vaca e efeito residual. Para as características de perímetro escrotal apenas os efeitos aleatórios genético direto e residual foram incluídos.

As correlações genéticas foram estimadas por meio das análises bi-característica utilizando o programa MTDFREML (BOLDMAN et al, 1995). Foi adotado como critério de convergência o momento em que a variância da simplex atingisse 1×10^{-9} , e não houvesse variação na última casa decimal do log (-2λ) por duas reinicializações consecutivas, usando parâmetros estimados na última rodada. As correlações fenotípicas foram estimadas utilizando o procedimento CORR do sistema SAS, versão 9.1.3. (SAS, 2004).

O modelo matemático completo na forma matricial utilizado nas análises bi-característica foi:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} S_1 & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} m_1 \\ 0 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} pe_1 \\ 0 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Sendo:

y_1 (y_2) = vetor dos dados observados da característica 1 e 2; b_1 (b_2) = vetor dos efeitos fixos da característica 1 e 2; u_1 (u_2) = vetor dos efeitos genéticos diretos da característica 1 e 2; m_1 = vetor dos efeitos genéticos maternos da característica 1; pe_1 = vetor dos efeitos de ambiente permanente da característica 1; e_1 (e_2) = vetores de efeitos residuais das características 1 e 2. X_1 (X_2) = matrizes de incidência associando elementos de b_1 (b_2) a y_1 (y_2); Z_1 (Z_2) = matrizes de incidência associando elementos de u_1 (u_2) a y_1 (y_2); S_1 = matriz de incidência associando elementos de m_1 a y_1 ; W_1 = matriz de incidência associando elementos de pe_1 a y_1 ;

Resultados e Discussão

As correlações fenotípicas e genéticas estudadas entre as características de pesos e perímetro escrotal em diferentes idades na raça Pardo Suíço Corte estão apresentadas na tabela 1.

Tabela 1 - Correlações fenotípicas e genéticas entre as características de pesos e perímetro escrotal na raça Pardo Suíço Corte.

Característica	PE205 (r_f ; r_g)	PE365 (r_f ; r_g)	PE550 (r_f ; r_g)
PN	(0,65; -0,14)	(0,36; -0,04)	(0,22 ; -0,03)
P120	(0,54; -0,09)	(0,43; 0,27)	(0,37 ; 0,17)
P205	(0,60; 0,00)	(0,44; 0,06)	(0,46 ; 0,00)
P365	(0,47; 0,15)	(0,64; 0,15)	(0,60 ; 0,07)
P450	(0,45; 0,08)	(0,54; 0,16)	(0,64 ; 0,00)
P550	(0,35; -0,15)	(0,59; 0,11)	(0,67 ; -0,05)

PE205 = perímetro escrotal aos 205 dias, PE365 = perímetro escrotal aos 365 dias, PE550 = perímetro escrotal aos 550 dias, PN = peso ao nascimento, P120 = peso aos 120 dias, P205 = peso aos 205 dias, P365 = peso aos 365 dias, P450 = peso aos 450 dias, P550 = aos 550 dias, r_f = correlação fenotípica, r_g = correlação genética.

As correlações fenotípicas observadas foram de baixa e média magnitude, variando conforme a proximidade entre a mensuração do peso e do perímetro escrotal, sendo maior quanto mais próxima foi a mensuração do peso e do perímetro escrotal. Este comportamento também foi observado por Lôbo et al. (2000). Todos os valores positivos encontrados para a correlação fenotípica concordam com o relato de Kriese et al. (1991).

A correlação genética encontrada entre o peso à desmama e o perímetro mensurado aos 12 meses foi de 0,06. Para esta correlação Keeton et al. (1996) observaram o valor de 0,14 para animais da raça Limousin. Na raça Hereford, Kriese et al. (1991) relataram correlação genética entre estas características de 0,08.

Devido ao fato das correlações fenotípicas entre pesos e perímetros escrotais serem positivas e de magnitude superior às correlações genéticas, as quais foram positivas e negativas de baixa magnitude, não são esperados impactos significativos em perímetro escrotal, quando os critérios de seleção envolverem desenvolvimento ponderal. Isso permite, igualmente, que a seleção para perímetro escrotal não interfira no desempenho ponderal dos animais.

A independência observada entre estas características estudadas contraria a maioria dos trabalhos encontrados na literatura, que reportam correlações genéticas altas e positivas entre pesos e perímetro escrotal. (LÔBO et al, 2000).

Conclusões

Não foram observadas correlações genéticas importantes entre os pesos e o perímetro escrotal em diferentes idades, indicando não haver relacionamento entre estas características. Esta independência possibilita que a seleção de uma característica não influencie no resultado da outra.

Agradecimentos

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo – FAPESP, pelo auxílio financeiro.

Literatura Citada

- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. et al. **A manual for use of MTDFREML: A set of program to obtain estimates of variances and covariances** (DRAFT). Lincoln: Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995. 120p.
- CUCCO, D.C. **Estimativa de parâmetros genéticos para características de crescimento e perímetro escrotal na raça Pardo Suíço Corte**. Pirassununga: Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, 2008, 83p. Dissertação (Mestrado). Disponível em: <<http://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/74/74131/tde-11032008-090556/publico/5581102.pdf>>. Acesso em: 10/05/2008.
- KEETON, L.L.; GREEN, R.D.; GOLDEN, B.L. et al. Estimation of variance components and prediction of breeding values for scrotal circumference and weaning weight in Limousin cattle. **Journal of Animal Science**, v.74, p.31-36, 1996.
- KRIESE, L.A.; BERTRAND, J.K.; BENYSHEK, L.L. Age adjustment factors, heritabilities and genetic correlations for scrotal circumference and related growth traits in hereford and brangus bulls. **Journal of Animal Science**, v.69, p.478-489, 1991.
- LÔBO, R.N.B.; MADALENA, F.E.; VIEIRA, A.R. Average estimates of genetic parameters for beef and dairy cattle in tropical regions. **Animal Breeding Abstracts**, v.68, p.433-462, 2000.
- SAS - STATISTICAL ANALYSIS SYSTEMS. **User's guide: Version 9.1**, Cary, 2004, p.5136.