

VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento de diferentes raças e cruzamentos de bovinos de corte envolvidos na formação da raça Purunã¹

Meiby Carneiro de Paula Leite², Elias Nunes Martins³, Daniel Perotto⁴, Alexandre Leseur dos Santos⁵

¹Parte do projeto de pós-doutorado do primeiro autor, financiado pelo CNPQ

²Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas – UFRB/Cruz das Almas. e-mail: meiby@ufrb.edu.br

³Departamento de Zootecnia - UEM/Maringá. e-mail: enmartins@uem.br

⁴Pesquisador do Instituto Agronômico do Paraná – IAPAR/Paraná. e-mail: dperotto@iapar.br

⁵Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UEM/Maringá.

Resumo: Os objetivos deste trabalho foram estimar componentes de (co)variância para características de crescimento de bovinos cruzados de diferentes grupos genéticos envolvidos na formação da raça Purunã. Os dados utilizados neste trabalho foram fornecidos pelo Instituto Agronômico do Paraná, e são provenientes de animais de diferentes raças e cruzamentos de bovinos de corte envolvidos na formação da raça Purunã. Foram analisados os pesos ao nascimento (PN), à desmama (PD), aos 12 (P12), 18 (P18) e 24 (P24) meses de idade, provenientes de 16 grupos genéticos. A estimação dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos foi realizada por meio de inferência Bayesiana, utilizando um modelo animal que incluiu os efeitos fixos de ano de nascimento*estação de nascimento, grau de sangue e sexo, além dos efeitos aleatórios genéticos aditivos e erro residual. As médias estimadas para PN, PD, P12, P18 e P24 foram iguais a 33,72, 152,32, 196,23, 274,71 e 298,37 kg, respectivamente. As estimativas de herdabilidade para PN, PD, P12, P18 e P24, foram iguais a 0,40, 0,36, 0,24, 0,39 e 0,36, respectivamente. As correlações genéticas entre as características foram de magnitude moderada a alta e positivas. Os resultados indicam que todas as características analisadas possuem variação genética aditiva suficiente para boa resposta à seleção. Os valores de correlação sugerem que, a seleção para maior peso a idades jovens promovem incremento no peso adulto dos animais.

Palavras-chave: correlação genética, herdabilidade, inferência Bayesiana, peso

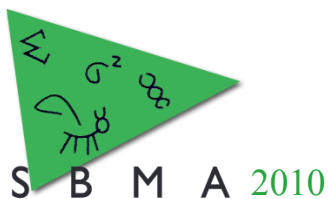
Estimates of genetic parameters for growth traits of different breeds and crossbreeds beef cattle involved in Puruna formation

Abstract: The objectives of this work were to estimate (co)variance components for growth traits of crossbred beef cattle from 16 genetic groups that are involved in the formation of the Purunã composite breed. Data were provided by Paraná Agronomic Institute. The variables were birth weight (PN), weaning weight (PD), and body weights at 12 (P12), 18 (P18) and 24 (P24) months of age. Bayesian inference was used to estimate (co)variance components and genetic parameters, by an animal model that included year of birth*birth season interaction, breed composition and sex as fixed effects, in addition to additive genetic and residual error as random effects. Estimated means for PN, PD, P12, P18 and P24 were 33.72, 152.32, 196.23, 274.71 and 298.37 kg, respectively. Heritability estimates for PN, PD, P12, P18 and P24 were 0.40, 0.36, 0.24, 0.39 and 0.36, respectively. Genetic correlations among traits were positive and ranged from moderate to high values. All analyzed traits had additive genetic variation to assure good selection response. Correlation values suggest that selection for higher body weight at younger ages result in heavier adult body weight.

Keywords: Bayesian inference, body weight, genetic correlation, heritability

Introdução

Um dos recursos para se modificar o potencial genético dos rebanhos é a seleção, que depende de programas de avaliação genética bem estruturados. Nos últimos anos, programas de melhoramento vêm sendo implementados no Brasil para várias raças bovinas de corte, sendo que o peso, avaliado em diferentes idades, é largamente utilizado como critério de seleção nesses programas.



VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

Para o estabelecimento de qualquer programa de melhoramento genético animal é fundamental a estimação acurada de parâmetros genéticos das características de importância econômica, pois permite prever o valor genético dos animais e a identificação de animais geneticamente superiores.

Nenhum trabalho, até o momento, avaliou geneticamente os reprodutores da raça Purunã, portanto, os objetivos deste trabalho foram estimar componentes de (co)variância para características de crescimento de bovinos cruzados de diferentes grupos genéticos envolvidos na formação da raça Purunã.

Material e Métodos

Os dados utilizados neste trabalho foram fornecidos pelo Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR), e são provenientes de animais de diferentes raças e cruzamentos de bovinos de corte envolvidos na formação da raça Purunã, uma população composta de bovinos de corte, oriunda dos cruzamentos alternados entre as raças Charolês (Ch) e Caracu (Ca) e entre as raças Canchim (Cn) e Aberdeen Angus (Ab).

Foram disponibilizados dados de ganho de peso, coletados durante os anos de 1980 a 2007, de animais puros da raça Purunã, formados a partir de 1996, e bi-mestiços, formados de 1980 a 1995, os quais são as populações fundadoras do Purunã.

Para garantir a consistência das informações, o conjunto de dados original foi editado no programa computacional SAS (*Statistical Analysis System*) (2000), impondo-se restrições que resultaram na eliminação de observações inconsistentes.

Foram analisados os pesos ao nascimento (PN), a desmama (PD), aos 12 (P12), 18 (P18) e 24 (P24) meses de idade, provenientes de 16 grupos genéticos. O número de observações analisadas para os PD, P12, P18 e P24 foram iguais a 5.053, 4.228, 3.782, 2.214 e 1.393, respectivamente. Os PD, P12, P18 e P24 foram ajustados para 210, 360, 540 e 720 dias, respectivamente.

A estimação dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos, para todas as características analisadas, foi realizada utilizando abordagem Bayesiana, por meio do programa MTGSAM (*Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models*) desenvolvido por Van Tassel & Van Vleck (1995).

Foram realizadas análises unicaracter, para cada um dos pesos PN, PD, P12, P18 e P24 e uma análise multicaracter, envolvendo as cinco características.

Para todas as análises, foi utilizado um modelo animal que incluiu os efeitos fixos da interação de ano de nascimento*estação de nascimento, grau de sangue e sexo, além dos efeitos aleatórios genéticos aditivos e erro residual.

Tanto para as análises unicaracter como para as tricaracter, foram geradas cadeias de Gibbs de 1.200.000 iterações, com um descarte inicial de 200.000 iterações e um intervalo de amostragem de 500 iterações, sendo obtidas 2.000 amostras dos componentes de (co)variância para cada análise realizada.

A monitoração da convergência das cadeias geradas pelo amostrador de Gibbs foi feita por meio da utilização dos testes de diagnóstico de Geweke e de Heidelberger & Welch, disponíveis no CODA (*Convergence Diagnosis and Output Analysis*), implementado no programa R (2004).

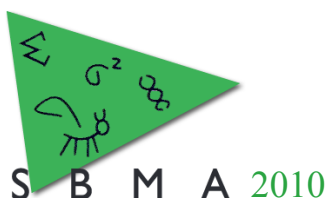
Foram construídos os intervalos de credibilidade e as regiões de alta densidade para todos os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos estimados, em nível de 90%.

Resultados e Discussão

As médias estimadas e os desvios-padrão para PN, PD, P12, P18 e P24 foram iguais a 33, 72 ± 5,81, 152,32 ± 30,55, 196,23 ± 43,69, 274,71 ± 47,48 e 298,37 ± 66,30, respectivamente.

Houve indicação de convergência para todas as cadeias, tanto nas análises unicaracter como nas multicaracter.

As médias posteriores das estimativas de herdabilidade encontram-se na Tabela 1, podendo-se observar que todas as estimativas encontram-se dentro do intervalo de credibilidade e região de alta densidade. Os resultados indicam que todas as características analisadas possuem variação genética aditiva suficiente para boa resposta à seleção e podem ser incluídas nos programas de melhoramento de bovinos da raça Purunã. Mello et al. (2006) avaliaram características de crescimento em fêmeas da raça Canchim e encontraram herdabilidades para PD e P12 iguais 0,38 e 0,40, relatando também a existência



VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Maringá, PR – 01 e 02 de julho de 2010

Melhoramento Animal no Brasil: UMA VISÃO CRÍTICA

de variabilidade genética para essa característica para a raça estudada e recomendando a inclusão dessas características em programas de melhoramento.

Tabela 1 Médias posteriores das estimativas de herdabilidade para os pesos, com seus respectivos intervalos de credibilidade e região de alta densidade, ao nível de 90%, obtidas nas análises unicaracter.

Características	Herdabilidade	Intervalo de Credibilidade	Região de Alta Densidade
Peso ao nascimento	0,40	0,35 – 0,45	0,35 – 0,45
Peso a desmama	0,36	0,30 – 0,42	0,30 – 0,42
Peso aos 12 meses	0,24	0,18 – 0,31	0,18 – 0,31
Peso aos 18 meses	0,39	0,29 – 0,48	0,29 – 0,48
Peso aos 24 meses	0,36	0,23 – 0,47	0,23 – 0,47

Na Tabela 2 podem ser visualizadas as médias posteriores das estimativas das correlações genéticas entre os diferentes pesos, obtidas em análise pentacaracter. De modo geral, as correlações genéticas entre as características foram de magnitude moderada a alta e positivas, indicando que características de crescimento são determinadas, em grande parte, pelos mesmos genes. Os valores de correlação sugerem que, a seleção para maior peso a idades jovens promovem incremento no peso adulto dos animais e que a seleção precoce pode ser realizada.

Tabela 2 Médias posteriores das estimativas das correlações genéticas entre os pesos, em análise pentacaracter.

Características	Peso ao nascimento	Peso a desmama	Peso aos 12 meses	Peso aos 18 meses
Peso a desmama	0,25	-	-	-
Peso aos 12 meses	0,37	0,37	-	-
Peso aos 18 meses	0,27	0,34	0,63	-
Peso aos 24 meses	0,21	0,27	0,61	0,67

Conclusões

Existe variância genética entre as características estudadas, como demonstrado nos valores de herdabilidade, o que indica boa resposta a seleção. As correlações genéticas obtidas indicam que a seleção para qualquer um dos pesos promoverá resposta correlacionada e no mesmo sentido nos pesos em idade mais avançada.

Agradecimentos

Ao CNPQ, pela concessão da bolsa. Ao IAPAR, pela concessão do banco de dados. Ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da UEM, por permitir a realização deste trabalho.

Literatura citada

- MELLO, S.P.; ALENCAR, M.M.; TORAL, F.L.; GIANLORENÇO, V.K. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento e produtividade em vacas da raça Canchim, utilizando-se inferência Bayesiana. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.35, n.1, p. 92-97, 2006.
- 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>.
- SAS INSTITUTE. SAS/STAT®. **User's guide: statistics, versão 8.1**. 4. ed., v.2, Cary: SAS Institute, 2000.
- VAN TASSEL, C.P.; VAN VLECK D.L. **A manual for use of MTGSAM. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance component estimation (DRAFT)**. Lincoln: Department of Agriculture Research Service, 1995. 86p.