

X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

Efeito da heterogeneidade ambiental e fenotípica na avaliação genética de bovino de corte da região Norte do Brasil

Wanderson Silva Coelho¹, Jovita Oliveira Turmina², Fernando Brito Lopes³, Geneildes Cristina de Jesus Santos⁴, Eliane Carolina Almeida Rizzo⁴, Jorge Luís Ferreira⁵

¹Acadêmico de Medicina Veterinária, Universidade Federal do Tocantins. e-mail: wcoelho16@hotmail.com

²Mestranda do Programa de Pós-graduação em Ciência Animal Tropical, UFT. e-mail: jovita_turmina@hotmail.com

³Pós-doutorando, Embrapa Cerrado / Capes, Goiânia, GO, e-mail: camult@gmail.com

⁴Mestres em Produção Animal. Araguaína, TO. e-mail:geneildes.cristina@gmail.com;elianerizzootecnista@yahoo.com.br

⁵Professor Adjunto, Programa de Pós-graduação em Ciência Animal Tropical, UFT. e-mail:jlferreira@uft.edu.br (responsável)

Resumo: Avaliou-se a heterogeneidade fenotípica sobre a avaliação genética de bovinos da raça Nelore criados a pasto, provenientes do Norte do Brasil. Foram utilizados pesos ajustados aos 205 dias de idade (P205), os quais foram classificados em três classes fenotípicas: baixo, médio e alto. Houve aumento da variância genética aditiva direta e residual à medida que aumentaram as classes fenotípicas. As herdabilidades para as classes fenotípicas baixa, média e alta foram 0,27, 0,33 e 0,26, respectivamente. As estimativas de correlações genéticas entre as classes fenotípicas (baixa e média, baixa e alta; e média e alta) foram 0,82, 0,35 e 0,72, respectivamente. As estimativas de correlação dos valores genéticos dos touros denotaram indicio de possível efeito da heterogeneidade de variância fenotípica. Houve uma grande variabilidade para os valores genéticos dos touros na classe alto fenótipo. Assim, sugerimos a identificação e seleção de touros com os maiores valores genéticos para essa característica, levando em consideração o respectivo estado no qual os animais têm sido criados.

Palavras-chave: carne bovina, correlação, herdabilidade, valor genético

Multivariate analysis and effect of environmental and phenotypic heterogeneity on genetic evaluation of beef cattle from Northern Brazil

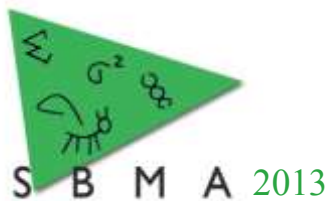
Abstract: This study was carried out to evaluate and discriminate the effect of phenotypic heterogeneity on bovine genetic evaluation in extensive pastures of Northern Brazil. Adjusted weights at weaning weight (W205) were sorted in three phenotypic classes: low, medium and high. There was increased of genetic additive direct and residual variances to the extent that increased phenotypic classes. The heritabilities for low, medium and high phenotypic classes were 0.27, 0.33 and 0.26, respectively. Genetic correlations between the low and medium, low and high and medium and high phenotypic classes were 0.82, 0.35 and 0.72, respectively. The estimative of correlation of the breeding values of sire showed effect of the heterogeneity of phenotypic variance on the prediction of genetic values of animals. There was a major variability for the breeding values of sires at high phenotype class. Thus, we suggested the identification and selections of sires with the highest genetic values for this trait, according with environment in which these animals are being raised.

Keywords: breeding value, correlation, heritability, beef cattle

Introdução

Na produção animal, é importante avaliar os efeitos dos fatores ambientais e dos efeitos fenotípicos e heterogeneidade genética da variância, bem como as consequências econômicas que estes efeitos podem causar na produtividade do gado bovino. As avaliações genéticas são influenciados pelo clima, a comida e as variações de gestão de saúde e isso pode aumentar as diferenças de meios de produção, bem como em variações fenotípicas e genéticas de características de importância econômica (Campelo et al., 2003; Lopes et al., 2008). Compreender e diminuir o impacto negativo de fatores ambientais na produção de bovinos de corte é urgentemente necessário, de modo que o potencial genético pode ser expresso ao máximo. Portanto, este estudo foi realizado para avaliar o efeito da heterogeneidade climática, física e fenotípica na avaliação genética de bovinos da raça Nelore criados a pasto no Norte do Brasil.

Material e Métodos



X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

Registros de pesos padronizados em idade de desmame (P205) foram utilizados para estudar o efeito da heterogeneidade de variância na avaliação genética de bovinos da raça Nelore. 40.160 animais da região Norte do Brasil foram utilizados neste estudo (Tabela 1).

Tabela 1. Número de animais, grupo de contemporâneos (GC) e touros para pesos padronizados aos 205 dias de idade da região Norte do Brasil.

	Fenótipos		
	Baixo	Médio	Alto
Animal	13.666	11.409	15.085
GC	590	568	646
Touros	549	399	452

Criou-se três classes fenotípicas: i) animais com peso abaixo da média, ii) com peso superior à média até mais um desvio padrão, e iii) com peso superior a média mais um desvio-padrão (Tabela 1). Os modelos univariado e bivariado utilizados continham os efeitos aleatórios genéticos diretos, os genéticos materno e os de ambiente permanente materno, bem como os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (fazenda, sexo, estação e ano de nascimento) e a idade da vaca ao parto como covariável (efeitos linear e quadrático). As estimativas dos parâmetros genéticos e predições dos valores genéticos foram obtidas utilizando-se o aplicativo MTDFREML, Boldman et al., (1995). A heterogeneidade da variação fenotípica foi avaliada utilizando a alteração na classificação de reprodutores. As predições dos valores genéticos (BV) para as três classes fenotípicas foram analisadas pela primeira vez usando o procedimento UNIVARIADA para verificar a distribuição dos dados. Os BVs foram padronizados utilizando o procedimento padrão, assumindo média zero (0) e variância um (1). A comparação entre os BVs das classes fenotípicas foram realizadas utilizando o teste de Tukey ($p < 0,05$).

Resultados e Discussão

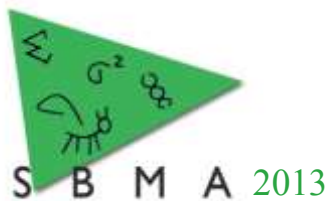
Os pesos à desmama (P205) diferiram ($p < 0,001$) entre as classes baixa, média e alta fenótipo, sendo $147,70 \pm 11,77$; $173,29 \pm 13,06$ e $206,73 \pm 15,92$ a média de peso para cada classe (Tabela 2).

Tabela 2. Peso médio de P205 nas classes fenotípicas nos estados que integram a região Norte do Brasil.

Estados	Classes Fenotípicas			Média
	Baixo	Médio	Alto	
Acre	146.13 ^{Dc}	171.38 ^{Db}	208.67 ^{Ba}	175.39
Amazônia	146.60 ^{Dc}	171.98 ^{Db}	204.12 ^{Da}	174.24
Rondônia	147.74 ^{Cc}	174.34 ^{Bb}	204.17 ^{Da}	175.42
Pará	149.46 ^{Ac}	173.39 ^{Cb}	209.97 ^{Aa}	177.61
Tocantins	148.57 ^{Bc}	175.38 ^{Ab}	206.55 ^{Ca}	176.83
Media	147.70	173.29	206.70	

^{abc}letras diferentes na linha indicam diferenças estatísticas dentro de cada estado, ($p < 0,01$) pelo teste de Tukey entre as classes fenotípicas ^{ABCD}letras diferentes nas colunas indicam diferenças significativas ($p < 0,01$) pelo teste de Tukey entre os estados da região Norte do Brasil.

As estimativas das variâncias genética aditiva direta, materna e residual apresentaram valores crescentes ao longo categorias fenotípicas (Tabela 3). A variância residual para animais com maior peso, apresentaram valores mais elevados devido às características não incluídas no modelo animal adotado. Esses fatores resultam, na maioria dos casos, da variabilidade ambiental entre os estados do Norte do Brasil. Assim, se estes fatores não são incluídos no modelo matemático, a variância residual vai ser sobrestimada enquanto a hereditariedade (0,26) serão subestimados (Tabela 3). A heterogeneidade de variâncias genética e/ou residual pode ocasionar a redução da precisão dos valores genéticos preditos e, consequentemente, a redução da resposta à seleção segundo Garrick & Van Vleck (1987). Assim, é



X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

necessário definir melhor e distinguir as fontes de variação ambiental, incluindo possíveis efeitos de heterocedasticidade de variâncias fenotípicas para que as estimativas de parâmetros genéticos sejam mais precisas. A correlação genética aditiva direta entre baixa e média, baixa e alta e as classes média e alta fenotípicas foram 0,82; 0,35 e 0,72, respectivamente. A correlação de Spearman, SAS(2002). entre a predição dos valores genéticos dos touros para as classes fenotípicas, revelou valores diferenciados para os reprodutores nas classes, confirmando assim, que a heterogeneidade de variâncias, principalmente a residual tem impacto direto sobre a acurácia das predições dos valores genéticos.

Tabela 3. Peso à desmama (P205), herdabilidade, variância genética aditiva direta, variância genética aditiva maternal, e variância residual para P205 de rebanhos Nelore da região Norte do Brasil.

Parâmetros	Classes Fenotípicas		
	Baixo	Médio	Alto
Herdabilidade	0.27	0.33	0.26
Variância genética aditiva direta	39.02	59.51	88.17
Variância genética aditiva maternal	8.42	12.59	21.67
Variância residual	95.09	108.2	224.4

As estimativas de correlações genéticas mostraram a existência de heterogeneidade das variâncias fenotípicas. A variação do valor genético predito para a classe fenotípica alta indicou a existência de animais com o genótipo superior para maiores P205. Assim, a identificação de animais com altas predições para P205, combinados com um estudo da interação genótipo x ambiente, é essencial para que a seleção forneça retornos econômicos satisfatórios e produtivos. Não foram verificadas diferenças significativas ($p > 0,05$) para os valores genéticos (BV) dos touros entre as classes fenotípicas. As predições dos valores genéticos para as classes fenotípicas de baixo, médio a alto fenótipos foram $1,61 \pm 0,079$, $0,112 \pm 0,172$ e $1,93 \pm 2,41$, respectivamente. No entanto, observou-se aumento da variabilidade com o aumento dos pesos médios.

Conclusões

Os resultados deste estudo revelaram a existência de heterogeneidade das variâncias fenotípica. Assim, se os efeitos da heterogeneidade das variâncias fenotípicas e ambientais não são considerados, pode haver escolha inadequada dos touros, dificultando o progresso genético da população de seleção.

Literatura citada

- BOLDMAN K.G.; KRIESE L.A.; VAN VLECK L.D.; **A manual for use for MTDFREML**. A set of programs to obtain estimates of variance and covariance [DRAFT]. Lincoln: Department of Agriculture/Agricultural Research Service, 1995, 120p.
- CAMPELO J.E.G.; LOPES P.S.; TORRES R.A. et al. Influência da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da raça Tabapuã. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.55, p.685-693, 2003.
- GARRICK, D.J.; Van VLECK, L.D.; Aspects of selection for performance in several environments with heterogeneous variances. **Journal Animal Science**, v.65, p.409-421, 1987.
- LOPES, J.S.; RORATO, P.R.N.; WEBER, T. et al. Efeito da interação genótipo x ambiente sobre o peso ao nascimento, aos 205 e aos 550 dias de idade de bovinos da raça Nelore na Região Sul do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, p.54-60, 2008.
- SAS Institute Inc. **Statistical Analysis System user's guide**. SAS Institute Press: USA, 2002.