

Parâmetros genéticos e fenotípicos de produtividade acumulada e intervalo entre partos em bovinos da raça nelore

Grossi, DA¹; Berton, MP²; Venturini, GC³; Paz, CCP⁴; Bezerra, LAF⁵; Lôbo, RB⁶; Munari, DP⁷

¹Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal, Curso de Doutorado, FCAV/UNESP, Bolsista FAPESP

²Acadêmica do Curso de Zootecnia, FCAV/UNESP, Bolsista FAPESP

³Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal, Curso de Mestrado, FCAV/UNESP, Bolsista CNPq

⁴APTA/SAA – Ribeirão Preto/SP

⁵Departamento de Genética, FMRP/USP

⁶ANCP- Ribeirão Preto/SP

⁷Departamento de Ciências Exatas, FCAV/UNESP
danisio@fcav.unesp.br

Palavras-Chave: bovinos de corte, características reprodutivas, herdabilidade, intervalo de partos

Foram analisados dados de 5724 fêmeas da raça Nelore nascidas de 1973 a 2002, pertencentes a 22 fazendas do estado de São Paulo, participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN/Nelore Brasil). O objetivo foi avaliar a associação genética entre produtividade acumulada (PAC) e primeiro e segundo intervalo entre partos (IEP1 e IEP2, respectivamente), visando propor subsídios para seleção de bovinos de corte. Todas as fêmeas consideradas continham dados de PAC e IEP1. Na estruturação dos dados, foram excluídas fêmeas que não possuíam pai e mãe conhecidos, número de fazenda atual ou data de nascimento e observações de qualquer dos intervalos entre partos que estivessem abaixo de 330 e acima de 750 dias. Análises pelo método dos quadrados mínimos auxiliaram na definição dos efeitos ambientais considerados nas análises dos componentes de variância. Assim, o grupo de contemporâneos (GC) de PAC foi formado por animais da mesma fazenda, nascidos no mesmo ano e estação e os GC de IEP1 e IEP2 foram compostos por animais da mesma fazenda atual e nascidos no mesmo ano. Foram excluídos dos arquivos os GC com menos de quatro observações por característica e pais com menos de três filhos em cada variável. O arquivo final resultou em 2641, 2642 e 1437 animais com observações de PAC, IEP1 e IEP2, com médias de 146,0±28,1 kg, 474,6±113,5 dias e 449,9±110,6 dias, respectivamente. Utilizou-se o método de máxima verossimilhança restrita (REML) sob modelo animal para estimar parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais em análises bi-característica de PAC com IEP1 e IEP2. Os modelos incluíram efeitos aleatórios aditivo direto e residual. No modelo para PAC, foram considerados os efeitos fixos de GC e o peso do animal à desmama como co-variável linear de primeiro grau e no modelo de IEP1 e IEP2, o efeito fixo de GC e de estação de nascimento do parto anterior e do parto atual. As estimativas de herdabilidade para PAC, IEP1 e IEP2 foram de 0,12 (média), 0,02 e 0,02, respectivamente. Essas estimativas indicaram que a PAC possui variabilidade genética aditiva suficiente para incluí-la nos programas de avaliação genética e que o IEP1 e IEP2 não respondem a seleção. As correlações genéticas de PAC com IEP1, IEP2 foram -0,17 e -0,30 respectivamente. Portanto, a seleção para PAC poderá ocasionar mudanças favoráveis em IEP1 e IEP2.