

X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

Estimativas de (co)variâncias e parâmetros genéticos para consumo alimentar residual e características associadas em touros da raça Nelore

Lorraine Oliveira Morais¹, Arcadio de los Reyes Borjas², Breno de Faria e Vasconcellos³, Émerson Guimarães Moraes⁴, Leonardo Nishimoto Souza⁴, Juliano José de Resende Fernandes²

¹ Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal – EVZ/UFG, Goiânia. Bolsista Capes. E-mail: lorraine.oliva@hotmail.com

² Departamento de Produção Animal – UFG, Goiânia

³ Departamento de Zootecnia PUC-GO, Goiânia

⁴ Empresa Nelore Qualitas

Resumo: Dados provenientes de 238 touros da raça Nelore nascidos nos anos 2008 e 2009 foram utilizados para estimar as (co)variâncias, herdabilidades e correlações genéticas e fenotípicas para o consumo alimentar residual (CAR) e outras medidas associadas: conversão alimentar (CA), consumo de matéria seca (CMS) e ganho médio diário (GMD). Os valores de herdabilidade estimados para CAR, CMS, GMD e CA foram 0,10; 0,09; 0,36 e 0,12, respectivamente. As correlações genéticas entre CAR e as outras medidas foram de baixa a alta magnitude, sendo algumas com valores negativos: CAR x CMS = -0,28; CAR x GMD = -0,87; CAR x CA = 0,33. O CAR é uma medida com potencial para avaliar a eficiência alimentar, pois é independente de características de crescimento e tamanho dos animais (correlação fenotípica CAR x GMD = -0,02, valor próximo de zero).

Palavras-chave: correlação, eficiência alimentar, herdabilidade

Estimates of (co) variances and genetic parameters for residual feed intake and associated traits in Nelore bulls

Abstract: Data from 238 Nelore bulls borned in the years 2008 and 2009 were used to estimate (co) variances, heritability and genetic and phenotypic correlations for residual feed intake (RFI) and related measures: feed conversion (FC), dry matter intake (DMI) and average daily gain (ADG). The heritability values estimated for RFI, DMI, ADG and FC were 0.10, 0.09, 0.36 and 0.12, respectively. Genetic correlations between RFI and other measures were low to high values, and some with negative values: RFI x DMI = -0.28; RFI x ADG = -0.87; RFI x FC = 0.33. The RFI is a measure to evaluate the potential for feed efficiency, because it is independent growth characteristics and size of the animals (Phenotypic correlation RFI x ADG = -0.02, near zero value).

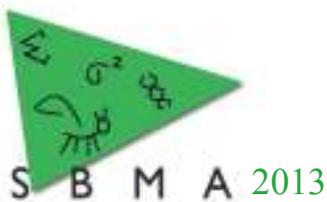
Keywords: correlation, feed efficiency, heritability

Introdução

Significativa parcela dos custos no sistema de produção animal se deve à alimentação e, uma maneira de atenuar essa situação seria aumentar a eficiência alimentar dos animais, por meio da seleção. O consumo alimentar residual (CAR) inicialmente proposto por KOCH et al. (1963), surge como uma alternativa para seleção de animais mais eficientes, pois é uma medida de eficiência alimentar que ao contrário das outras (conversão alimentar, eficiência alimentar bruta) não está correlacionada com características de crescimento.

O CAR é calculado individualmente pela diferença entre o consumo alimentar observado (kg/dia) o consumo estimado para o animal, com ajustes para peso vivo médio metabólico (PVMM, kg^{0,75}) e taxa de ganho de peso (GMD, kg/dia). Assim, animais com valores negativos para o consumo alimentar residual (baixo CAR) são mais eficientes se comparados a animais com consumo alimentar residual positivo (alto CAR), em razão de consumirem menos que a quantidade predita para um mesmo ganho de peso.

Objetivou-se estimar os componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos do CAR e outras medidas de eficiência alimentar, em touros da raça Nelore, visando a utilização deste caráter em programas de melhoramento genético animal.



X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

Material e Métodos

Os dados analisados são provenientes do estudo realizado no Confinamento Experimental de Touros, localizado na Escola de Veterinária e Zootecnia da Universidade Federal de Goiás (EVZ-UFG), nos períodos de agosto a novembro de 2010 e maio a agosto de 2011. Nestes dois anos, foram avaliados 238 touros da raça Nelore com idade aproximada de 22 meses e peso em torno de 420 kg, provenientes de fazendas participantes do Programa de Melhoramento Genético Nelore Qualitas.

Os animais foram confinados, em média, por 105 dias em baias individuais. Após a entrada no confinamento, os animais passaram um período de adaptação à dieta e ao local. Foi fornecida ração duas vezes ao dia (período da manhã e da tarde), *ad libitum*. O consumo de alimento foi controlado diariamente. As sobras dos cochos foram recolhidas todos os dias antes do fornecimento da ração, sendo realizada a pesagem destas sobras para determinar o consumo de alimento.

Animais oriundos da mesma fazenda, ano e trimestre de nascimento compuseram os grupos contemporâneos, que constituíram o efeito fixo incluído nos modelos de análise, representados pela sigla NRAE (subclasse rebanho-ano-época).

As características foram analisadas inicialmente de forma individual (análise unicaráter) e posteriormente foram associadas à outra característica (análise bicaráter). O modelo estatístico utilizado para estimar os componentes de (co)variâncias para cada caráter, conforme HENDERSON (1984) em notação matricial, pode ser descrito como: $Y = X\beta + Z\alpha + e$. Em que Y , é o vetor das observações (GMD, CMS, CAR, CA); X e Z são matrizes de incidência que relacionam os efeitos dos vetores β (grupos contemporâneos) e α (valor genético aditivo) com as observações Y ; e e é o vetor dos efeitos aleatórios residuais associados com cada observação. Com valores esperados: $E[Y] = X\beta$, e $E[\alpha] = E[e] = 0$.

O aplicativo MTDFREML (*Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood*) foi utilizado para estimar as (co)variâncias e parâmetros genéticos das características consideradas por meio de máxima verossimilhança restrita.

Resultados e Discussão

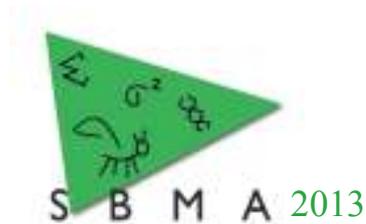
As variâncias genéticas aditiva das características analisadas foram em geral de baixa magnitude (Tabela 1), provavelmente pelo fato de ser pequeno o tamanho amostral dos animais que participaram do experimento. Além disso, foram utilizados os melhores animais das safras de 2008 e 2009, ou seja, os animais foram selecionados anteriormente. Variância genética baixa é desvantagem em programas de melhoramento animal, pois se tem menor resposta à seleção. A medida conversão alimentar (CA) foi a que apresentou maior variância genética aditiva (0,43).

Tabela 1. Estimativas de variância genética aditiva (diagonal) e covariâncias (acima da diagonal) para consumo alimentar residual (CAR), consumo de matéria seca (CMS), ganho médio diário (GMD) e conversão alimentar (CA)

Característica	CAR (kg/dia)	CMS (kg/dia)	GMD (kg/dia)	CA (kg/dia)
CAR (kg/dia)	0,07	0,76	-0,04	0,06
CMS (kg/dia)		0,10	0,03	0,04
GMD (kg/dia)			0,03	-
CA (kg MS/kg ganho)				0,43

Estimativas de herdabilidade do CAR em raças zebuínas são escassas na literatura. Entretanto, espera-se que esses valores sejam próximos aos encontrados em raças europeias. As herdabilidades estimadas para as características analisadas foram de baixa a moderada magnitude (Tabela 2), no entanto, a inclusão destas características como critério de seleção em programas de melhoramento genético animal podem gerar resposta à seleção.

Os primeiros valores calculados para o CAR dos animais avaliados, não levaram em consideração o efeito do grupo contemporâneo de origem dos animais, e isto determinou estimativas da variância genética aditiva, e conseqüentemente da herdabilidade de praticamente zero. Em novas análises incluindo no modelo a subclasse rebanho-ano-época de nascimento dos animais (NRAE), foram obtidos resultados mais consistentes, sendo a herdabilidade estimada para o CAR de 0,10.



X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

Em geral, os valores de herdabilidade encontrados para o CAR são de baixos a moderados. Em estudos realizados por HERD & BISHOP (2000) com 540 animais, o valor encontrado para herdabilidade foi de $0,16 \pm 0,08$. KOCH et al. (1963) avaliando 1324 animais estimaram herdabilidade de 0,28. Entretanto, outros dois pesquisadores estimaram alta herdabilidade para o CAR, 0,43 (ARTHUR et al., 2001) e 0,46 (ROLFE et al., 2010) avaliando 1.302 e 998 animais, respectivamente. Provavelmente o pequeno tamanho da amostra estudada (238 animais) tenha influenciado no baixo valor estimado para a herdabilidade do CAR.

As estimativas de correlação genéticas e fenotípicas encontradas entre as características estudadas foram de baixa a alta magnitude (Tabela 2). A correlação fenotípica entre CAR e GMD foi negativa ($r_p = -0,02$) e próximo a zero, indicando a independência fenotípica entre eles. O CAR está relacionado, tanto fenotipicamente (0,39) como geneticamente (0,33) à conversão alimentar (CA). Assim, cabe esperar que a seleção de animais segundo o CAR determine melhoria da CA e também da eficiência alimentar (EA). A correlação fenotípica entre CAR e CMS foi elevada, com valor de 0,79. Portanto, os animais que são mais eficientes (baixo CAR), fazem menor ingestão de alimentos do que os ineficientes (alto CAR).

Com a identificação dos animais com baixo CAR, podemos reduzir os gastos com alimentação e aumentar a eficiência da produção da carne sem interferir no crescimento e tamanho adulto do animal, pois a correlação entre CAR e GMD foi baixa (-0,02). Como o CAR não é uma medida realizada no indivíduo, e sim uma estimativa com base no consumo teórico do animal, o cálculo correto desta característica depende do modelo utilizado e a inclusão do grupo contemporâneo permitiu a obtenção de resultados mais acurados.

Tabela 2. Estimativas de herdabilidade (diagonal), correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) para consumo alimentar residual (CAR), consumo de matéria seca (CMS), ganho médio diário (GMD) e conversão alimentar (CA)

Característica	CAR (kg/dia)	CMS (kg/dia)	GMD (kg/dia)	CA (kg/dia)
CAR (kg/dia)	0,10	-0,28	-0,87	0,33
CMS (kg/dia)	0,79	0,09	0,03	0,20
GMD (kg/dia)	-0,02	0,51	0,36	-
CA (kg MS/ kg ganho)	0,39	0,1	-	0,12

Conclusões

A seleção de bovinos de corte com melhor eficiência alimentar é muito importante, principalmente pelo fato de diminuir os custos com alimentação que são elevados dentro do sistema de produção. A inclusão do CAR na seleção de bovinos de corte é uma forma de diminuir estes gastos alimentares por selecionar animais que consomem menor quantidade de alimento para um mesmo nível de produção.

Agradecimentos

À CAPES pelo apoio financeiro e ao Nelore Qualitas pela disponibilização do banco de dados.

Literatura citada

- ARTHUR, P.F.; RENAND, G.; KRAUSS, D. Genetic and phenotypic relationships among different measures of growth and feed efficiency in young Charolais bulls. **Livestock Production Science**, v.68, p.131-139, 2001.
- HERD, R.M.; BISHOP, S.C. Genetic variation in residual feed intake and its association with other production traits in British Hereford cattle. **Livestock Production Science**, v.63, p.111-119, 2000.
- HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. Ontario: University of Guelph, 1984. 462p.
- KOCH, R. M.; SWIGER, L. A.; CHAMBERS, D. Efficiency of feed use in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.22, p.486-494, 1963.
- ROLFE, K.; NIELSEN, M.K.; FERRELL, C.L. et al. Genetic and phenotypic parameter estimates for feed intake and other traits in growing beef cattle. **Nebraska Beef Report**, p. 34-35, 2010.