



43ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia
24 a 27 de Julho de 2006
João Pessoa - PB

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE TOUROS NELORES COM SÊMEN DISPONÍVEL EM CENTRAIS DE INSEMINAÇÃO NO BRASIL

PAULO BAHIANSE FERRAZ FILHO,
LUIZ OTÁVIO CAMPOS DA SILVA, JÚLIO CÉSAR DE SOUZA,
CARLOS HENRIQUE MENDES MALHADO

(1) Professor Adjunto – Departamento de Ciências Naturais – UFMS – paulo@ceul.ufms.br.

(2) Pesquisador Embrapa Gado de Corte – locs@cnpgc.embrapa.br

(3) Professor Adjunto – Departamento de Zootecnia – UFPR – jcs@ufpr.br

(4) Professor Adjunto – Departamento de Biologia – UESB – malhado@uesb.br

RESUMO

O objetivo deste estudo foi avaliar a divergência genética, entre 33 reprodutores da raça Nelore com sêmen disponíveis em Centrais de Inseminação, com base nas diferenças esperadas em suas progênes com relação a caracteres ponderais e reprodutivos, através de técnicas de análise multivariada. Medidas de dissimilaridade foram obtidas através das distâncias Euclidianas médias padronizadas, sendo a maior dissimilaridade entre os touros com distância de 2,5840 e a maior similaridade entre os progenitores com valor estimado de 0,3423 de distância. Dez grupos de reprodutores como mesmo padrão de similaridade foram obtidos por técnica de agrupamento, com quatro touros divergentes em relação aos demais. Escores dos componentes principais foram estimados, para se obter gráficos de dispersão, que possibilitaram a avaliação visual da divergência genética e do padrão de dissimilaridades entre os materiais estudados. Dos componentes principais que explicaram a maior parte da variância total, o primeiro explicou 30,33%, o segundo respondeu por 24,09% e o terceiro por 16,75% da variância. As estimativas de divergência genética encontrada permitem definir progenitores que podem produzir ganhos significativos em função dos efeitos heteróticos oriundos de acasalamentos entre suas progênes.

PALAVRAS-CHAVE

bovinos, distância genética, similaridade.

GENETIC DIVERGENCE OF NELLORES BULLS WITH AVAILABLE SEMEN IN HEADQUARTERS OF INSEMINATION IN BRAZIL

ABSTRACT

The objective of this study was to evaluate the genetic divergence, among 33 sires of the race Nelore with available semen in Headquarters of Insemination, based in the expected differences in their progenies regarding development and reproductive characteristics, through techniques of multivariate analysis. Dissimilar measures were obtained through the Euclidian distances standardized averages, being the largest dissimilar among the bulls with distance of 2.5840 and the largest similarity among the progenitors with dear value of 0.3423 of distance. Ten groups of reproductive as same similarity pattern were obtained by grouping technique, with four divergent bulls in relation to the others. Scores of the main components were dear, to obtain dispersion graphs, that made possible the visual evaluation of

the genetic divergence and of the dissimilar pattern among the studied materials. Of the principal components that explained most of the total variance, the first explained 30.33%, the second answered for 24.09% and the third for 16.75% of the variance. The estimates of found genetic divergence allow to define progenitors that can produce won significant in function of the heterotics effects originating from of matings among their progenies.

KEYWORDS

bovine, genetic distance, similarity.

INTRODUÇÃO

A análise da diversidade genética se destina à identificação de genitores adequados à obtenção de progênes com vigor híbrido diferenciado, e que proporcionem maior segregação em recombinações, possibilitando o aparecimento de animais com valores genéticos superiores a média da população. O propósito deste foi avaliar a diversidade genética por processos preditivos, entre reprodutores bovinos da raça Nelore com sêmen disponível em Centrais de Inseminação no Brasil, que permitam identificar as combinações que expressem maior efeito heterótico e maior heterozigose em sua descendência, com relação às características biométricas, como pesos maternos, a desmama, e ao sobreano e ganhos de pesos nos períodos pré e pós-desmama e às características reprodutivas, como idade ao primeiro parto, intervalo entre partos, perímetro escrotal a desmama e ao sobreano. Ainda, realizar a formação de grupos similares de reprodutores por técnicas de agrupamento, e por intermédio de componentes principais.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram selecionados 33 reprodutores, com sêmen disponível em Centrais de Inseminação do Brasil, equivalentes a 0,1% do percentil geral do índice de qualificação genética de 26627 touros da raça Nelore relacionados no Sumário Nacional de Touros das Raças Zebuínas - Nelore 2004 (Brasil, 2004), realizado pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ) com parceria da Embrapa Gado de Corte. Para o estudo da divergência genética utilizou-se informações das diferenças esperadas nas progênes (DEPs), contidas no referido Sumário. As variáveis analisadas foram as DEPs estimadas para as seguintes características: Peso aos 120 dias de idade (efeito materno = PM e total materno = TMM), expressa em kg; Peso aos 240 dias de idade (efeito direto = PD e total materno = TMD), expressa em kg; Peso aos 420 dias de idade (efeito direto = PS), expressa em kg; Ganho de peso pré-desmama (efeito direto = GND, e total materno = TMGND), expressa em g/dia; Ganho de peso pós-desmama (efeito direto = GPD), expressa em g/dia; Perímetro escrotal à desmama (efeito direto = PED), expressa em cm; Perímetro escrotal ao sobreano (efeito direto = PES), expressa em cm; Idade ao primeiro parto (efeito direto = IPP), expressa em dias; Intervalo entre primeiro e segundo partos (efeito direto = I2P), expressa em dias; Intervalo entre os demais partos (efeito direto = IOP), expressa em dias. O índice de qualificação genética (IQG), obtido pela fórmula $10\% \cdot PM + 15\% \cdot PD + 20\% \cdot TMD + 30\% \cdot PS + 10\% \cdot IPP + 10\% \cdot I2P + 5\% \cdot PES$, foi incluído como a décima quarta variável.

As medidas de dissimilaridade foram obtidas através das estimativas das distâncias Euclidiana média, baseadas nas catorze variáveis acima descritas. Na análise de agrupamento dos reprodutores adotou-se a distância Euclidiana sobre a qual empregou-se o método de otimização de Tocher. Coeficientes de ponderação de componentes principais foram estimados, para se obter gráficos de dispersão, que possibilitaram a avaliação da divergência genética e do padrão de dissimilaridades entre os materiais estudados. Os dados foram processados no Programa Genes - Aplicativo Computacional em Genética e Estatística, versão Windows (Cruz, 2001).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas das distâncias euclidianas médias evidenciam o grau de dissimilaridade entre os

genitores avaliados (Cruz, 2005). Por intermédio do desempenho médio e das estimativas destas distâncias, é possível identificar entre os animais avaliados, aqueles mais divergentes. As progênes desses genótipos seriam recomendadas como genitores de acasalamentos visando a heterose em programas de melhoramento. Já a análise de agrupamento tem por finalidade reunir objetos semelhantes segundo suas características (variáveis), segundo algum critério de similaridade ou dissimilaridade, de tal forma que existam homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos.

As maiores e menores distâncias Euclidianas médias padronizadas, entre pares de progenitores, são apresentadas na Tabela 1. Estas estimativas evidenciam os graus de similaridade e de dissimilaridade entre os touros avaliados. Os resultados mostram que a maior dissimilaridade ocorre entre os touros 20 e 26 (distância euclidiana média de 2,5840) e a maior similaridade entre os progenitores 12 e 15 (com valor estimado de 0,3423 de distância euclidiana média).

Apesar de a máxima diversidade ter sido apresentada entre os touros 20 e 26, a recomendação dos acasalamentos entre suas progênes só deverá ser feita após uma análise criteriosa de seus desempenhos em relação a cada um dos caracteres avaliados.

As estimativas de dissimilaridade atendem aos objetivos do melhorista, por quantificarem e informarem sobre o grau de semelhança ou de diferença apresentado entre dois quaisquer genótipos (Cruz e Carneiro, 2003). Como o número elevado de estimativas dificulta o reconhecimento de grupos homogêneos pelo simples exame visual daquelas estimativas foi feito o uso do método de agrupamento de otimização (método de Tocher). O agrupamento dos touros por meio deste método, com base na dissimilaridade expressa pela distância euclidiana média padronizada, permitiu o estabelecimento dos dez grupos apresentados na Tabela 2, onde se constata que os touros 29, 28, 22 e 10 são os mais divergentes em relação aos demais.

Componentes principais também foram obtidos a partir das médias padronizadas de 33 touros, avaliados em relação às diferenças esperadas em suas progênes em relação aos catorze caracteres apresentados. A partir da estimativa dos autovalores e autovetores, obtidos a partir da matriz de covariância entre os valores padronizados, verificou-se serem necessários os três primeiros componentes principais para explicar aproximadamente 80% da variação entre os touros. Dos componentes principais que explicaram a maior parte da variância total, o primeiro explicou 30,33%, o segundo respondeu por 24,09% e o terceiro por 16,75% da variância. Neste caso optou-se pela dispersão gráfica tridimensional (Figura 1), na qual são considerados simultaneamente os escores dos três primeiros componentes principais o que, confirma que os genótipos 20 e 26 apresentam a máxima diversidade por situarem-se graficamente mais distante e os mais próximos, genótipos 12 e 15, como as menores diversidades. A dispersão gráfica, resultante dos componentes principais, deverá ser utilizada tanto na identificação de cruzamentos promissores quanto aqueles cuja variabilidade disponível em gerações segregantes deve ser restrita (Cruz e Regazzi, 1994).

A estimativa dos componentes principais permitiu avaliar a importância relativa das características empregadas sobre a diversidade genética. Após análise dos componentes cujo autovalor não excedeu a 0,7, foram identificadas, em ordem crescentes, as variáveis de maior coeficiente na última função linear, IQG, TMGND, PD, IPP, TMM, novamente TMM, PED, PM, IOP, PES, novamente IOP, PS, TMD e novamente TMGND, respectivamente, como as passíveis de descarte.

Na técnica dos componentes principais, em que se utilizam funções lineares das variáveis originais para estudos de divergência, Cruz e Regazzi (2001), interpretam como a variável de menor importância relativa para a divergência aquela que apresenta o maior coeficiente na última função linear, formada com base no fato de que a importância decresce da primeira para a última. Em caso de descarte de variáveis, os autores recomendam que a variável de menor importância seja descartada e que nenhum outro descarte seja realizado com base nesta última função linear, mas prosseguindo, se for o caso, com a função de importância relativa imediatamente superior e sua variável de maior coeficiente.

CONCLUSÕES

Os genótipos estudados apresentaram divergência genética, assim a utilização de cruzamentos envolvendo suas progênies podem produzir ganhos significativos em função da heterose e o direcionamento de tais cruzamentos pode ser importante para preservar a variabilidade genética da população.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e do Abastecimento. Sumário Nacional de Touros das Raças Zebuínas: Nelore, edição 2004/MAPA. Embrapa Gado de Corte/ABCZ, 2004. cd room – (Documentos/ Embrapa Gado de Corte, ISSN 85-297-0176-3). http://www.cnpqc.embrapa.br/~locs/sumario/sumzebu/nel_index.htm
- CRUZ, C.D. REGAZZI, A.J. Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético. Viçosa: UFV, Impr. Univ., 1994. 390 p.
- CRUZ, C.D. Programa Genes: versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2001. 648p.
- CRUZ, C.D. CARNEIRO, P.C.S. Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético. Vol. 2. Viçosa: UFV, 2003. 585 p.
- CRUZ, C.D. Princípios de Genética Quantitativa. Viçosa: UFV, 2005. 394p.