

MODELOS GENÉTICOS PARA A PREDIÇÃO DA MORTALIDADE DE BEZERRAS HOLANDÊS X GUZERÁ

Fernando E. Madalena¹, Roberto L. Teodoro², Alvaro M. Lemos^{2*}, Rogério T. Barbosa³

Como parte de um experimento de avaliação de estratégias de cruzamentos, foi estudada a mortalidade até 1 ano de idade de 614 bezerras de 6 grupos de cruzamentos de Holandês (HVB) x Guzerá: F_1 , 4 retrocruzamentos (1/4, 3/4, 7/8 e $\geq 31/32$ HVB) e inter se 5/8 HVB. Os animais nasceram entre 1977 e 1981, na Faz. Sta. Mônica/EMBRAPA, Valença, RJ, sendo criados artificialmente. As observações foram agrupadas em 3 classes de idade da mãe e 4 anos de nascimento. Os dados foram analisados por regressão logística, modelando-se a probabilidade de morte como $\pi_{ijkl} = \exp(y_{ijkl})/[1+\exp(y_{ijkl})]$, onde $y_{ijkl} = \mu + g^I q_j^I + h^I z_j^I + h^M z_j^M + I_k + A_l$, sendo q_j a proporção esperada de genes de HVB num indivíduo do cruzamento j , z_j^I e z_j^M as proporções de locos ocupados por um alelo de cada raça, no indivíduo e na mãe, respectivamente, I_k o efeito da classe de idade da mãe k e A_l o efeito do ano de nascimento l . Num segundo modelo (2) incluiu-se também o efeito do tipo de cruzamento (T_i , $i=1$ para F_1 e retrocruzamentos, $i=2$ para inter se) estimando-se as regressões dentro do primeiro tipo. O teste da relação das verossimilhanças destes dois modelos teve $\chi^2 = 2,71$ ($P=0,10$) sugerindo melhor ajuste do segundo modelo, e indicando presença de epistasia. Num terceiro modelo, as regressões foram substituídas pelos efeitos de classificação dos 6 grupos de cruzamento, obtendo-se $\chi^2 = 0,065$ ($P>0,75$) para o teste da relação da sua verossimilhança com a do modelo 2, o que indica que este último modelo era suficiente para explicar a variação na mortalidade devida aos grupos de cruzamentos.

CPPSE
7511 AIN
SEPARATAS

- 1 EPAMIG, Depto. de Zootecnia, Escola de Veterinária, UFMG.- Bolsista do CNPq
- 2 EMBRAPA, CNP-GL.- Bolsista do CNPq
- 3 EMBRAPA, CPPSE. Bolsista do CNPq