



Estimativa de parâmetros genéticos para prolificidade em ovinos da raça Morada Nova

Diego Rodrigues de Sousa¹, Luciana Shiotsuki², Raimundo Nonato Braga Lôbo², Olivardo Facó², Ciro Torres Martins Junior³, Anderson Antonio Carvalho Alves³

¹Mestrando do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UVA/EMBRAPA, Sobral-CE, Brasil, Bolsista da FUNCAP. e-mail: diego_drsk@hotmail.com

²Pesquisador da Embrapa Caprinos e Ovinos.

³Graduando no curso de Zootecnia - UVA

Resumo: Os dados utilizados neste estudo foram provenientes de ovinos da raça Morada Nova, pertencentes a rebanhos participantes do Núcleo de Melhoramento Genético Participativo de Ovinos da Raça Morada Nova e inseridos no Programa de Melhoramento Genético de Caprinos e Ovinos de Corte – GENECOC. A matriz de parentesco utilizada foi formada por 4.342 animais. A característica analisada foi prolificidade. Previamente, a característica foi analisada utilizando o procedimento MIXED do programa SAS[®], para definição dos efeitos fixos que comporiam o modelo de análise. O modelo utilizado continha efeitos de grupo contemporâneo (animais paridos na mesma estação e ano e submetidos ao mesmo manejo), ordem de parto e efeito de ambiente permanente do animal, além da covariável peso ao parto. As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita não Derivativa (DFREML), utilizando o programa MTDFREML, através de análises uni característica. A herdabilidade para característica analisada foi de magnitude elevada, demonstrando que a característica responderia a seleção massal.

Palavras-chave: análise univariada, eficiência reprodutiva, herdabilidade

Estimation of genetic parameters for litter size in Morada Nova Hair Sheep

Abstract: The data used in this study were from herds of Morada Nova Hair Sheep Breed, belonging to participants of the Nuclei for Participatory Breeding of Morada Nova Hair Sheep Breed and inserted Program Breeding for Meat Goats and Sheep - GENECOC. The relationship matrix used was formed by 4,342 animals. The trait analyzed was litter size. Previously, the trait was analyzed using the MIXED procedure of SAS[®], to define the fixed effects that would be included in the analysis model. The model used contained effects of contemporary group (animals lambing in the same season and year and subjected to the same rearing system), order of lambing and permanent environmental effect of the animal, and the covariate weight at lambing. Estimates of genetic parameters were obtained by Restricted Maximum Likelihood method not Derivative (DFREML) using MTDFREML through univariate analysis. The heritability of the trait analyzed was of high magnitude, demonstrating that the trait would respond to mass selection.

Keywords: univariate analysis, reproductive efficiency, heritability

Introdução

Em um sistema de produção o objetivo principal é alcançar máxima eficiência a fim de garantir o retorno econômico. Segundo Barbosa (2003) as características relacionadas à eficiência reprodutiva são de importância fundamental para o sucesso do agronegócio, enfatizando que as características produtivas das crias não tem importância, se as mães não apresentarem bom desempenho reprodutivo. Dentre as raças ovinas deslançadas, Facó et al. (2008) destacam a raça Morada Nova por seu bom desempenho reprodutivo fazendo menção especial à prolificidade, por sua importância para a eficiência econômica da atividade e, portanto, diretamente relacionada à viabilidade econômica. Diante da importância econômica da prolificidade em sistemas de produção de ovinos de corte, objetivou-se com este trabalho estimar parâmetros genéticos para esta característica em ovinos da raça Morada Nova como forma de dar subsídios ao processo de seleção no Núcleo de Melhoramento Genético Participativo de Ovinos da Raça Morada Nova.

Material e Métodos

Os dados utilizados neste estudo foram provenientes de ovinos da raça Morada Nova, pertencentes a rebanhos participantes do Núcleo de Melhoramento Genético Participativos de Ovinos da Raça Morada Nova e inseridos no Programa de Melhoramento Genético de Caprinos e Ovinos de Corte – GENECOC. A matriz de parentesco utilizada continha 4.342 animais. Previamente, a prolificidade foi analisada utilizando o procedimento MIXED do programa SAS[®], para definição dos efeitos fixos que comporiam o modelo de análise. Assim, foram incluídos no modelo os efeitos de grupo contemporâneo (animais paridos na mesma estação e ano e submetidos ao mesmo manejo), ordem de parto e efeito de ambiente permanente do animal, além da covariável peso ao parto das matrizes. As estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pelo método da



Máxima Verossimilhança Restrita - (REML), utilizando algoritmo livre de derivadas DFREML, sob modelo animal. Para isso, foi utilizado o aplicativo Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood (MTDFREML), desenvolvido por Boldman et al. (1995). O critério de convergência adotado foi de 10^{-9} , isto é, quando a variação do valor da função do ciclo anterior e do presente ciclo era menor que 10^{-9} considerava-se que a convergência tinha sido alcançada. A análise era reiniciada usando os valores de variância e covariâncias obtidos na análise anterior, até que o valor $-2 \log L$ não se reduzisse mais, indicando ter atingido o máximo global.

Resultados e Discussão

Tabela 1. Número de observações, médias, desvios-padrão, máximo, mínimo e coeficiente de variação (CV) para a característica prolificidade em ovinos da raça Morada Nova criados em sistemas extensivos no semiárido.

| Nº de observações | Média \pm Desvio-Padrão | Mínimo | Máximo | CV (%) |
|-------------------|---------------------------|--------|--------|--------|
| 2322 | 1.55 \pm 0,49 kg | 1,000 | 2,000 | 31,88 |

A prolificidade média encontrada neste estudo foi superior àquela observada por Shiotsuki e Facó (2012), que trabalhando com ovinos da raça Morada Nova e analisando os parâmetros para esta característica encontraram média de 1,39 \pm 0,49 e coeficiente de variação de 35,25%. Para o parâmetro herdabilidade o valor encontrado nessa análise foi de 0,59 (Tabela 2) sendo considerado de magnitude alta e corroborando com os resultados de Shiotsuki e Facó (2012) que analisando a característica prolificidade por métodos bayesianos obtiveram valor de 0,50.

Tabela 2. Estimativas de componentes de variância genética aditiva (σ^2_a) residual (σ^2_e) e fenotípica (σ^2_p), ambiente permanente (σ^2_{perm}) e herdabilidade (h^2) para prolificidade.

| σ^2_a | σ^2_e | σ^2_p | σ^2_{perm} | h^2 |
|--------------|--------------|--------------|-------------------|-------|
| 0,1335 | 0,0706 | 0,2269 | 0,0228 | 0,59 |

A estimativa de herdabilidade foi elevada, indicando que essa característica possui variância genética suficiente para responder a seleção. Alguns autores observaram associação da prolificidade com um gene de efeito maior, o "Growth and Differentiation Factor 9 - GDF9" (SILVA et al., 2010). Isso, provavelmente, justifica a alta estimativa de herdabilidade obtida. Além deste, Lôbo (2008), ainda cita que a prolificidade pode ser influenciada por outros genes de efeito principal como é o caso dos genes Booroola, e BMP15. Vale salientar que, apesar da importância da prolificidade para viabilidade do sistema de produção, na prática, o aumento da prolificidade pode trazer como consequência uma maior taxa de mortalidade, se as condições de manejo sanitário e nutricional não forem adequadas. Desta forma, a elevação da prolificidade deve ser acompanhada de melhoria nas condições de manejo como forma de evitar que ocorra um aumento da taxa de mortalidade das crias e assim vindo a prejudicar a viabilidade da atividade.

Conclusões

Os parâmetros genéticos estimados neste trabalho indicam que a característica de prolificidade apresenta variabilidade genética na raça Morada Nova, podendo ser incluídas em programas de melhoramento genético e devendo responder bem à seleção massal.

Agradecimentos

À Associação Brasileira dos Criadores de Ovinos da Raça Morada Nova – ABMOVA, À Embrapa Caprinos e Ovinos, pelos dados fornecidos para realização do trabalho. Às Instituições de apoio a pesquisa CAPES/FUNCAP pelo financiamento da bolsa de mestrado do primeiro autor.

Referências Bibliográficas

- BOLDMAN, K. G., KRIESE, L. A., Van VLECK, D. L. et al. **A manual for use of MTDFREML**. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT] Lincoln: USDA/Agricultural Research Service, 120p, 1995.
- BARBOSA, P. F. Estratégias de Utilização de Recursos Genéticos em Sistemas de Produção de Bovinos de Corte. **Embrapa Pecuária Sudeste**, 2003. Disponível em: <<http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/BovinoCorte/BovinoCorteRegiaoSudeste/racas.htm>> Acesso em: Ago.03, 2013.
- FACÓ, O.; PAIVA, S. R.; ALVES, L.R.N.; LÔBO, R. N. B.; VILLELA, L. C. V. **Raça Morada Nova: Origem, Características e Perspectivas**. Sobral: Embrapa Caprinos e Ovinos, 2008. 31p. Documentos, 75.



LÔBO, A.M.B.O. **Estudo genético de características de importância econômica em uma população multirracial de ovinos de corte: uma abordagem quantitativa e molecular.** 2008. 29f. Dissertação. (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal do Ceará, Fortaleza.

SHIOTSUKI, L.; FACÓ, O, **Sumário de Avaliação Genética de Ovinos Morada Nova 2012.** 1.ed. Sobral: Embrapa Caprinos e ovinos, 2012. 84p.

SILVA, B. D. M; CASTRO, E. A.; SOUZA, C. J. H.; PAIVA, S. R. A new polymorphism in the Growth and Differentiation Factor 9 (GDF9) gene is associated with increased ovulation rate and prolificacy in homozygous sheep. **Animal Genetics**, Short Communication, p.1-4, 2010.