

GM 08. ESTUDIO DE LAS CORRELACIONES GENÉTICAS Y DE AMBIENTE PARA EL PESO AL DESTETE EN BOVINOS DE LA RAZA NELORE EN EL BRAZIL

J. C. de Souza¹, L. O. Campos da Silva², K. E. Filho², A. de A. Ramos³, M. M. Alencar², Claudia H. Gadini⁴, R. R. Velazco Gutierrez⁵ y L. Dale Van Vleck⁶

¹Investigador del Instituto de Zootecnia. Email - instzoo@eu.ansp.br - Cx. P. 67. CEP. 16900-000. Andradina, S.P. Brasil. ²Investigador de EMBRAPA - CNPGC, Campo. Grande, MS. ³Prof. del Dpto de Produção e Exploração Animal da FMVZ/UNESP, - Botucatu - S.P. ⁴Investigadora del Instituto de Zootecnia da S.A.A. de Ribeirão Preto. ⁵Alumno de Pós-Gaducción de la FMVZ/UNESP, - Botucatu - S.P. ⁶Investigador del R. L. Hruska U.S. Meat Animal Research Center, USDA-ARS, Clay Center; USA.

Abstract

Study of genetic and phenotypic correlations for weaning weight in Nelore cattle in Brazil

Records on 105 465 Nelore calves born from 1977 to 1994 in eight regions of Brazil were studied to evaluate the effects of genotype x environment interaction on weaning weight of calves. The interactions were estimated by the genetic correlations of weaning weight in different regions. To estimate the variance and covariance components to obtain the genetic correlation of weaning weight under different regions, a sire model and MTDFREML software were used, for two regions each time. The mathematical model included the fixed effects of year(17) and month(12), sex(2) of calf, farm(419) and age of dam (covariable), and the random effect of sire (588) and dam (57 162). The sire components of variance for each of the regions were 20.33, 28.08, 17.72, 29.80, 34.36, 38.08, 37.72 and 21.44. The phenotypic component were 375.11, 430.87, 430.65, 406.63, 408.99, 400.44, 412.71 and 335.74; for regions one two eight, respectively. The genetic correlations of weaning weight for two region at a time were generally low, indicating the presence of genotype x environment interaction.

Palabras claves: Nelore, parámetro genético, peso al destete.

Key words: Nelore, genetic parameter, weaning weight

Introducción

Para que la ganadería de carne brasileña pueda presentar un buen desempeño depende dentro de algunos factores de la utilización de metodologías adecuadas para predicción de los valores genéticos de los reproductores y madres, los cuales servirán de base a los programas de mejoramiento genético. En un país como el Brasil, con 8.511.965 km² portador del segundo mayor rebaño bovino del mundo, con cerca de 154 millones de cabezas, conocer los efectos genéticos y de ambiente y la interacción genotipo x ambiente se torna de gran importancia cuando se quiere maximizar la productividad. Procedimientos para obtenerse estimaciones de correlaciones genéticas aditivas para una misma característica en diferentes ambientes fueron introducidos por Falconer (1952), Robertson (1959), Dickerson (1962) y Yamada (1962). Los procedimientos son análogos a las estimaciones de correlación genética entre dos características en un mismo ambiente, sin embargo, en lugar de tener dos características en una misma región, se tiene la misma característica en dos regiones distintas. Robertson (1959) presentó las bases teóricas para las ideas de Falconer y sugiere que la interacción genotipo x ambiente sólo tiene importancia para la biología y agricultura si la correlación genética entre la misma característica en diferentes ambientes es inferior a 0,8. Este trabajo tuvo como objetivo estudiar la correlación genética, fenotípica y la interacción genotipo x ambiente sobre el peso al destete de animales de la raza Nelore en el Brasil.

Materiales y métodos

Los datos comprenden 105.645 pesos al destete de terneros de la raza Nelore, nacidos en el período de 1977 a 1994 y criados a pasto en ocho diferentes regiones tropicales del Brasil, caracterizadas según Arruda y Sugai (1994). Los pesos fueron cedidos por la Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ) y el Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Corte (CNPGC- EMBRAPA), Campo Grande - MS. Los parámetros genéticos y fenotípicos fueron obtenidos utilizando análisis multivariado sobre los pesos de animales medios-hermanos paternos, criados en dos o mas regiones diferentes, para lo cual se utilizó el modelo toro y el programa MTDFREML de Boldman *et al.*, (1993). El modelo matemático usado fue: $Y = X\beta + Zg + Wp + e$ donde: Y = vector de

observaciones; X = matriz de incidencia de los efectos fijos; β = vector de efectos fijos (sexo, mes y año de nacimiento del ternero, hacienda y la covariable edad de la vaca); Z = matriz de incidencia de toros; g = vector de efecto genético aditivo de toro (aleatorio); W = matriz de incidencia de vaca; p = efecto de ambiente permanente de vacas (aleatorio); e = vector del error aleatorio.

Los componentes aleatorios del modelo fueron asumidos como:

$$E(y) = Xb, e \quad E \begin{bmatrix} g \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad \text{Var} \begin{bmatrix} g \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{G_0}^2 & 0 & 0 \\ 0 & I_{nc}\sigma_{P_0}^2 & 0 \\ 0 & 0 & I_n\sigma_{E_0}^2 \end{bmatrix}$$

donde, σ_g^2 = variancia genética aditiva directa; σ_p^2 = variancia de efecto permanente de vaca (no correlacionado); σ_e^2 = variancia del residuo; I_{nc} e I_n = son matrices identidad de orden igual al número de vacas (nc) y al número total de animales con registros (n), respectivamente, y A es la matriz de parentesco.

$$\text{con: } G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{g_1}^2 & \sigma_{g_1g_2} \\ \sigma_{g_1g_2} & \sigma_{g_2}^2 \end{bmatrix}; P_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{p_1}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{p_1}^2 \end{bmatrix}; R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1e_2} \\ \sigma_{e_1e_2} & \sigma_{e_2}^2 \end{bmatrix}; E \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_1 & 0 \\ 0 & x_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix}$$

Resultados y discusión

Las estimaciones de heredabilidad (h^2) y de las correlaciones genéticas y fenotípicas se muestran en el cuadro 1, que revela existencia de gran variación de las correlaciones genéticas, siendo que el menor valor obtenido fué entre las regiones de Campo Grande - Dourados y Araraquara (par 2;6), estimada en -0.03. El valor negativo obtenido para la correlación genética indica que los genes se comportan de forma antagónica cuando están presentes en estas regiones, es decir, el mejoramiento genético en esta característica no es obtenido por el mismo conjunto de genes en las dos regiones. Así, los toros que tuvieron buen desempeño en la región 2, no presentan la misma respuesta en la región 6, evidenciando una vez mas la existencia de la interacción genotipo x ambiente. Sin embargo, entre las regiones de Leiteiras y Recôncavo Baiano (par 7 y 8) la correlación genética fue igual a 1, mostrando que los genes se comportan de manera semejante en las dos regiones.

Cuadro 1. Heredabilidad (diagonal), correlaciones genéticas (arriba de la diagonal) y fenotípicas (abajo de la diagonal) para el peso al destete entre regiones.

Regiones	Regiones							
	1	2	3	4	5	6	7	8
1	0.21	0.51	0.60	0.54	0.67	0.65	0.74	0.60
2	0.03	0.26	0.70	0.61	0.40	-0.03	0.35	0.40
3	0.03	0.04	0.17	0.74	0.45	0.61	0.49	0.66
4	0.03	0.04	0.05	0.29	0.55	0.47	0.76	0.59
5	0.04	0.03	0.03	0.04	0.34	0.40	0.72	0.67
6	0.05	-0.002	0.04	0.04	0.04	0.38	0.09	0.71
7	0.05	0.03	0.03	0.06	0.06	0.01	0.35	1.00
8	0.03	0.03	0.03	0.04	0.05	0.06	0.07	0.25

1. Región Alto Taquari - Bolsão; 2. Campo Grande - Dourados; 3. Goiás; 4. Triângulo Mineiro; 5. Oeste de São Paulo - Paraná; 6. Araraquara; 7. Leiteira; 8. Recôncavo Baiano.

Conclusiones

El efecto de la interacción genotipo x ambiente es intenso y dispersivo, evidenciando desde acción génica antagónica, $r_g = -0.03$, hasta acciones idénticas $r_g = 1$, revelados por las regiones 2 y 8, respectivamente. La existencia de la interacción genotipo x ambiente en el presente estudio fue evidente, y sugiere la necesidad de escoger los reproductores mas adecuados para cada una de las regiones brasileñas estudiadas, pues no siempre el mejor toro para una determinada región presentará buenos resultados en otras.

Literatura citada

- Arruda, Z.J. y Y. Sugai. 1994. Regionalização da pecuária bovina no Brasil. Campo Grande, CNPGC /EMBRAPA, 1994. 144p
- Dickerson, G. 1962. Implications of genetic environmental interactin in animal breeding. Anim. Prod., v. 4, p. 47-63.
- Boldman, K. G., L.A. Kriese, L.D. Van Vleck, Van Tassell, S.D. Kachman. 1993. A set programs to obtain estimates of variances and covariance. A manual for use of MTDFREML. Lincoln, Departament of Agriculture, Agricultural Research Service, 120p.
- Falconer, D.S. 1952. The problem of environment and selection. Am. Nat., v.86, n. 830, p.293-8.
- Robertson, A. 1959. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. Biometrics, v. 15, p. 469-85.
- Yamada, Y. 1962. Genotype by environment interaction and genetic correlation of the trait under different environments. Jpn. J. Genet., v. 37, p. 498-509.