**PARÂMETROS GENÉTICOS DE BOVINOS DE CORTE EM DIFERENTES GRUPOS RACIAIS**

**PERESTRELO, Amanda Awumi1** (amanda\_perestrelo@outlook.com)**; FERRAZ, André Luiz Julien2** (splinter@uems.br); **SOUZA, Julio Cesar3** (julio.souza@ufms.br)

1Discente do curso de Zootecnia da UEMS-Aquidauana; bolsista PIBIC/UEMS;

2Docente do curso de Zootecnia e Coordenador do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da UEMS-Aquidauana;

3Docente da Universidade Federal do Mato Grosso do Sul;

O Brasil possui uma posição de destaque na produção de Bovinos, ocupando a segunda posição no ranking mundial em número de animais, ficando atrás somente da Índia. O efetivo de bovinos no Brasil foi de 211,279 milhões de cabeças no ano de 2012, segundo os dados do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (United States Department of Agriculture - USDA). O Brasil ocupa também a segunda posição mundial na produção de carne bovina, sendo os Estados Unidos o maior produtor. A estimação de parâmetros genéticos em programas de melhoramento é de grande relevância tanto para pesquisa quanto para a prática de melhoramento genético animal, haja vista as mudanças ocorridas na população, uma vez que estes parâmetros são utilizados nas predições de valores genéticos e na predição da resposta à seleção. O presente trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos e fenotípicos, bem como as tendências anuais do peso ao nascimento, peso aos 205 dias e ganho de peso do nascimento a desmama de rebanhos de diferentes propriedades nos municípios de Aquidauana e Corumbá MS, o banco contendo dados satisfatório foram obtidos recentemente não havendo tempo hábil para finalizar o projeto, entretanto as análises iniciais descritivas estão aqui apresentadas. O banco de dados consta de registros de animais nascidos nos períodos de seca e águas, compreendido pelos anos de 1986 a 2012. Do número de animais presentes no banco de dados, foi observado que do total de 324 touros, alguns apresentaram apenas uma progênie durante o intervalo estudado, enquanto outros apresentaram número de progênies superior, deste modo podemos observar uma grande variação de touro para touro. Quanto ao sexo das progênies, foi obtido o numero de 1215 fêmeas e de 1066 machos, totalizando assim o total de 2281 animais distribuídos nas épocas de seca e águas do período estudado. De acordo com a análise de correlação das variáveis estudadas, sendo elas peso ao nascer (PN), peso aos 205 dias (P205) e Ganho de peso do nascimento a desmama (GPND), pode-se observar correlação positiva entre as variáveis. Ainda levando em consideração a essas variáveis, os resultados da correlação entre elas obedeceu a importância de maior para menor correlação respectivamente, P205xGPND (r=0,90775), PNxP205(r=0,45603) e PNxGPND(r=0,31440), para serem considerados desta forma, foi utilizada a metodologia proposta por Dancey e Reidy (2005), que considera correlações fortes e fracas da seguinte maneira, , r = 0,10 até 0,30 fraco; r = 0,40 até 0,60 moderado; r = 0,70 até 1 forte. Os parâmetros genéticos e progresso genético serão estimados por dois métodos distintos (Quadrados mínimos e Máxima Verossimilhança Restrita). Concluímos assim que as variáveis estudadas apresentaram correlações positivas que podem ser exploradas em programas de melhoramento genético, visando assim estabelecer parâmetros que possam se tornar ferramentas uteis a produção de animais de alto potencial genético e produtivo.

**Palavra-chave:** Bovinocultura. Melhoramento genético.

**Agradecimentos:** Ao Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Cientifica PIBIC, vinculado à Pró-reitoria de Pesquisa e Pós-Graduação- PROPP/UEMS pela concessão de bolsa de Iniciação Cientifica.