

**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

**Grupos genéticos na eficiência de seleção de bovinos de corte
compostos (*Bos taurus* x *Bos indicus*)**

Juliana Petrini

Dissertação apresentada para obtenção do título de
Mestre em Ciências. Área de concentração: Ciência
Animal e Pastagens

**Piracicaba
2012**

Juliana Petrini
Engenheira Agrônoma

**Grupos genéticos na eficiência de seleção de bovinos de corte compostos
(*Bos taurus* x *Bos indicus*)**

versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011

Orientador:
Prof. Dr. **GERSON BARRETO MOURÃO**

Dissertação apresentada para obtenção do título
de Mestre em Ciências. Área de concentração:
Ciência Animal e Pastagens

**Piracicaba
2012**

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA - ESALQ/USP**

Petrini, Juliana

Grupos genéticos na eficiência de seleção de bovinos de corte compostos (*Bos taurus* x *Bos indicus*) / Juliana Petrini. - - versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011. - - Piracicaba, 2012.
157 p. : il.

Dissertação (Mestrado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2012.

1. Bovinos de corte 2. Genética animal 3. Melhoramento genético animal
4. Populações animais 5. Seleção animal - Eficiência I. Título

CDD 636.2082
P496g

“Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor”

DEDICATÓRIA

Dedico

A Deus, pela determinação e paciência sempre necessárias para o alcance dos meus objetivos.

À minha família, meus pais Eloisa e Sérgio e meu irmão Felipe, pelos conselhos e pelo apoio, amor, amizade e carinho, mas principalmente pelos exemplos de honestidade, persistência, dedicação e respeito ao próximo.

Aos meus amigos, por sempre estarem presentes em minha vida.

AGRADECIMENTOS

À Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” e ao Programa de Pós-Graduação em “Ciência Animal e Pastagens” pela oportunidade de realização do mestrado.

Ao orientador Prof. Dr. Gerson Barreto Mourão, pelos ensinamentos, conselhos, amizade, apoio, paciência, e pela confiança depositada para o desenvolvimento deste trabalho e por sempre me guiar na vida acadêmica.

Ao Prof. Dr. Joanir Pereira Eler pela sugestão do tema desta dissertação, pelo aceite em participar do comitê de orientação e pelas sugestões, conselhos, dicas e ensinamentos sem os quais não seria possível a conclusão deste trabalho.

Ao Dr. Fernando Flores Cardoso por aceitar participar do comitê de orientação vinculado a este trabalho.

Ao Prof. Dr. Luis Gustavo Girardi Figueiredo, pelas fundamentais sugestões que contribuíram para que os resultados obtidos neste trabalho se tornassem mais consistentes e principalmente aplicados ao sistema produtivo.

Ao Grupo de Melhoramento Animal, vinculado à Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, em especial aos professores Dr. José Bento Serman Ferraz e Dr. Joanir Pereira Eler, pela concessão do banco de dados empregado nestas análises.

A Elisângela Chicaroni Mattos de Oliveira, por disponibilizar os computadores do Grupo de Melhoramento Animal (FZEA-USP) para o desenvolvimento de grande parte das análises necessárias à conclusão deste estudo.

Ao Prof. Dr. Luiz Lehmann Coutinho, pela ajuda ao desenvolvimento da pesquisa, através de sugestões, críticas e ensinamentos para a melhoria do trabalho.

Aos colegas do curso de pós-graduação, em especial aos amigos do Grupo de Melhoramento Animal, Aline Zampar, Ana Luisa Lopes da Costa, Fabiane de Silva Lima, Gilson Silvério da Rocha, Gregori Rovadoscki, João Vitor Teodoro, Johanna Ramírez Diaz, Marcos André Vaz Braz, Mary Ana Petersen Rodriguez, Simone Pértile e Tiago Almeida de Oliveira, além do agregado Gerson Oliveira Júnior, pela amizade, companheirismo, conversas, ajuda nos estudos, apoio no desenvolvimento desta pesquisa, troca de experiências e de conhecimento, mas

principalmente por compartilharem os momentos de diversão, descontração, dúvidas, dificuldades e muito trabalho.

Às amigas Mayara Salvian e Tathiane Mendes Zulini, pela amizade, carinho, companheirismo e colaboração na condução deste trabalho.

Aos docentes dos Departamentos de Zootecnia e Ciências Exatas, pela atenção, ensinamentos e pela preocupação com a formação acadêmica e científica de seus alunos, sempre os incentivando ao constante aprendizado.

Aos funcionários do Departamento de Zootecnia, pela atenção e carinho.

Ao Conselho Nacional de Pesquisa e Desenvolvimento (CNPq) pela concessão da bolsa de estudos no primeiro ano de mestrado.

À Fundação de Apoio à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pela concessão da bolsa de estudos no segundo ano de mestrado, colaborando para a minha formação acadêmica.

Aos meus amigos, especialmente àqueles que conheci na Gloriosa Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” e com os quais dividi os meus melhores momentos desde o início da graduação até a finalização do mestrado, e que contribuíram para que estes anos fossem inesquecíveis.

À minha família, aos meus pais Eloisa e Sérgio e meu irmão Felipe, pelo apoio e conselhos nos momentos difíceis, pelo incentivo, pela paciência e especialmente por me ajudarem a manter a serenidade e concentração essenciais durante todo o processo.

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

EPÍGRAFE

“Nunca ande pelo caminho traçado, pois ele conduz somente até onde os outros já foram.”

Alexander Graham Bell

“Os pescadores sabem que o mar é perigoso e a tormenta, terrível. Mas este conhecimento não os impede de lançar-se ao mar.”

Van Gogh

SUMÁRIO

RESUMO.....	11
ABSTRACT	13
LISTA DE FIGURAS	15
LISTA DE TABELAS	19
1 INTRODUÇÃO	27
2 HIPÓTESES.....	29
3 OBJETIVOS	31
4 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	33
4.1 Melhoramento genético de bovinos de corte.....	33
4.1.1 Seleção	35
4.1.2 Cruzamento.....	37
4.1.3 Avaliação genética	41
4.2 Genealogia desconhecida na avaliação genética	43
4.2.1 Grupos genéticos	44
5 MATERIAL E MÉTODOS.....	49
5.1 Dados.....	49
5.2 Simulação e grupos genéticos	52
5.3 Análise genética	58
5.4 Análise comparativa.....	60
6 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	63
6.1 Descrição dos dados.....	63
6.2 Estudo genético da população	67
6.2.1 Parâmetros genéticos.....	67
6.2.2 Tendência genética e ganho genético anual.....	69
6.3 Grupos genéticos na seleção de reprodutores.....	74
6.3.1 Peso ao nascimento	74
6.3.2 Peso ao desmame	90
6.3.3 Ganho de peso pós-desmame	105
6.3.4 Circunferência escrotal.....	117
6.3.5 Escore de musculabilidade	129
6.3.6 Avaliação comparativa das estratégias de agrupamento	141
7 CONSIDERAÇÕES FINAIS	143

REFERÊNCIAS 145

RESUMO

Grupos genéticos na eficiência de seleção de bovinos de corte compostos (*Bos taurus* x *Bos indicus*)

A inclusão de grupos genéticos na avaliação de reprodutores tem sido comumente empregada para a representação de possíveis diferenças genéticas entre os animais não contabilizadas pela ausência de informações de parentesco. Entretanto, a definição destes grupos ainda é arbitrária, sendo inexistentes trabalhos que avaliem as estratégias de agrupamento genético quanto aos seus efeitos sobre a eficiência de seleção. O objetivo desta pesquisa foi comparar estratégias de agrupamento genético na predição de valores genéticos, determinando-se a estrutura adequada à avaliação genética. Para tanto, foram utilizados dados de peso ao nascimento, peso ao desmame, ganho de peso pós-desmame, circunferência escrotal e escore de musculosidade de uma população de bovinos compostos da raça Montana Tropical. Foram avaliadas estratégias de agrupamento envolvendo os critérios de safra de nascimento do animal, sexo do parental desconhecido, fazenda de nascimento do animal, caminho de seleção e composição racial. Para cada abordagem, simulando-se ausência de registro de parentesco dos animais; foram preditos os valores genéticos, sendo estes comparados aos obtidos em uma análise envolvendo a matriz de relacionamentos completa, estimando-se a eficiência de seleção, e a correlação entre os valores genéticos e classificação dos animais. O modelo de análise incluiu os efeitos fixos de grupos de contemporâneos e classe de idade da mãe ao parto, as covariáveis referentes aos efeitos genéticos aditivos e não-aditivos diretos e maternos e de idade à mensuração, e os efeitos aleatórios aditivos diretos. Um segundo modelo incluiu, adicionalmente, o efeito fixo de grupos genéticos. O uso de grupos genéticos acarretou em médias de eficiência de seleção e correlação de 66,0% a 94,9% e 0,53 a 0,94 para peso ao nascimento, 70,4% a 97,1% e 0,51 a 0,94 para peso ao desmame, 73,5% a 97,8% e 0,60 a 0,96 para ganho de peso pós-desmame, 85,8% a 98,8% e 0,82 a 0,98 para circunferência escrotal e 85,1% a 98,6% e 0,74 a 0,97 para escore de musculosidade, respectivamente; sendo os melhores resultados associados às estratégias de safra de nascimento e composição racial. Perdas de seleção elevadas foram observadas quando empregados critérios de agrupamento complexos foram adotados, possivelmente devido à formação de muitos grupos com poucos animais, dificultando-se assim a estimativa dos efeitos dos grupos genéticos. Conclui-se que a definição da estratégia de agrupamento deve considerar as decisões vinculadas à seleção de reprodutores e o número de grupos genéticos formados, de forma que os mesmos representem as diferenças genéticas da população e permitam a adequada predição dos valores genéticos.

Palavras-chave: Eficiência de seleção; Parentesco; Pedigree; Valores genéticos

ABSTRACT

Genetic groups on selection efficiency for composite beef cattle (*Bos taurus* x *Bos indicus*)

The inclusion of genetic groups in sire evaluation has been widely used to represent genetic differences among animals not accounted by the absence of parentage information. However, the definition of these groups is still arbitrary, and research assessing the effects of genetic grouping strategies on the selection efficiency is rare. The aim of this study was to compare genetic grouping strategies in breeding values prediction, determining the appropriate structure for the genetic evaluation. Data on birth weight, weaning weight, post-weaning weight gain, scrotal circumference and muscling score of Montana Tropical composite beef cattle population were used. Grouping strategies involving birth season of the animal, sex of the unknown parent, birth farm of the animal, path selection and breed composition were evaluated. For each approach, simulating a loss of genealogy information, analyses were performed to predict breeding values. Thereafter, these breeding values were compared to those obtained in an analysis involving the complete relationship matrix, in order to estimate the selection efficiency and the correlations between breeding values and animal rankings. The analysis model included the fixed effects of contemporary groups and class of the dam age, the covariables related with the direct and maternal additive and non-additive genetic effects and age, and the additive random effect of animal. A second model included, additionally, the fixed effect of genetic groups. The use of genetic groups resulted in means of selection efficiency and correlation of 66.0% to 94.9% and 0.53 to 0.94 for birth weight, 70.4% to 97.1% and 0.51 to 0.94 for weaning weight, 73.5% to 97.8% and 0.60 to 0.96 for post-weaning weight gain, 85.8% to 98.8% and 0.82 to 0.98 for scrotal circumference, and 85.1% to 98.6% and 0.74 to 0.97 for muscling score, respectively. The best results were associated with the strategies of birth season and breed composition. High selection losses were observed when complex grouping criteria were adopted, possibly due to the formation of many groups with few animals, since this could lead to some confounding with other fixed effects and hamper the estimation effects of genetic groups. It is conclude that the definition of grouping strategy must consider the decisions regarding the selection and the number of genetic groups formed, so that genetic groups represent the genetic differences in population and allow an adequate prediction of breeding values.

Keywords: Breeding values; Parentage; Pedigree; Selection efficiency

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Esquema de formação dos animais compostos Montana Tropical.	50
Figura 2 - Esquema do processo de simulação para a avaliação das estratégias de agrupamento genético.....	55
Figura 3 - Tendência genética para peso ao nascimento.....	71
Figura 4 - Tendência genética para peso ao desmame.	71
Figura 5 - Tendência genética para ganho de peso pós-desmame.	72
Figura 6 - Tendência genética para circunferência escrotal.....	72
Figura 7 - Tendência genética para o escore de musculosidade.	73
Figura 8 - Relação entre os valores genéticos obtidos para peso ao nascimento na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 10% dos indivíduos com genealogia desconhecida.....	86
Figura 9 - Relação entre os valores genéticos obtidos para peso ao nascimento na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 30% dos indivíduos com genealogia desconhecida.....	87
Figura 10 - Relação entre os valores genéticos obtidos para peso ao nascimento na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 50% dos indivíduos com genealogia desconhecida.....	88
Figura 11 - Dendrograma da análise de agrupamento das estruturas de grupos genéticos na característica de peso ao nascimento.....	89
Figura 12 - Relação entre os valores genéticos obtidos para peso ao desmame na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 10% dos indivíduos sem com genealogia desconhecida.....	101
Figura 13 - Relação entre os valores genéticos obtidos para peso ao desmame na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 30% dos indivíduos com genealogia desconhecida.....	102

Figura 14 - Relação entre os valores genéticos obtidos para peso ao desmame na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 50% dos indivíduos com genealogia desconhecida.	103
Figura 15 - Dendrograma da análise de agrupamento das estruturas de grupos genéticos na característica de peso ao desmame.	104
Figura 16 - Relação entre os valores genéticos obtidos para ganho de peso pós-desmame na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 10% dos indivíduos com genealogia desconhecida.	113
Figura 17 - Relação entre os valores genéticos obtidos para ganho de peso pós-desmame na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 30% dos indivíduos com genealogia desconhecida.	114
Figura 18 - Relação entre os valores genéticos obtidos para ganho de peso pós-desmame na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 50% dos indivíduos com genealogia desconhecida.	115
Figura 19 - Dendrograma da análise de agrupamento das estruturas de grupos genéticos na característica de ganho de peso pós-desmame.	116
Figura 20 - Relação entre os valores genéticos obtidos para circunferência escrotal na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 10% dos indivíduos com genealogia desconhecida.	125
Figura 21 - Relação entre os valores genéticos obtidos para circunferência escrotal na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 30% dos indivíduos com genealogia desconhecida.	126
Figura 22 - Relação entre os valores genéticos obtidos para circunferência escrotal na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 50% dos indivíduos com genealogia desconhecida.	127
Figura 23 - Dendrograma da análise de agrupamento das estruturas de grupos genéticos na característica de circunferência escrotal.	128

- Figura 24 - Relação entre os valores genéticos obtidos para o escore de musculabilidade na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 10% dos indivíduos com genealogia desconhecida.....137
- Figura 25 - Relação entre os valores genéticos obtidos para o escore de musculabilidade na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 30% dos indivíduos com genealogia desconhecida.....138
- Figura 26 - Relação entre os valores genéticos obtidos para o escore de musculabilidade na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 50% dos indivíduos com genealogia desconhecida.....139
- Figura 27 - Dendrograma da análise de agrupamento das estruturas de grupos genéticos na característica de escore de musculabilidade.140

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Critérios utilizados para classificar os animais em grupos genotípicos em função da composição racial do sistema NABC.....	51
Tabela 2 - Idade (em meses) mínima e máxima consideradas para cada classe de idade da mãe ao parto (CIMP)	54
Tabela 3 - Mínimo e máximo aceitável das medidas e idades à mensuração (em dias) para a manutenção da informação no banco de dados para peso ao nascimento (PNAS), ao desmame (PDES), ganho de peso pós-desmame (GP), circunferência escrotal (CE) e escore de musculosidade (MUSC)	54
Tabela 4 - Número de indivíduos sorteados em cada conjunto de dados para a atribuição de um pai “fantasma” em substituição da informação de mãe, de pai e de ambos os parentais considerando-se a proporção de 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) de animais com genealogia desconhecida	57
Tabela 5 - Número de pais “fantasmas” considerando as proporções de 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) de indivíduos sem registros de genealogia (mãe, pai ou ambos)	58
Tabela 6 - Número de animais, vacas, touros e gerações, considerados na matriz de parentesco empregada na análise genética de peso ao nascimento (PNAS), peso ao desmame (PDES), ganho de peso pós-desmame (GP), circunferência escrotal (CE) e escore de musculosidade (MUSC).....	59
Tabela 7 - Número de observações (N), média, desvio-padrão (DP), coeficiente de variação (CV, %), valores mínimos e máximos obtidos para peso ao nascimento (PNAS), peso ao desmame (PDES), ganho de peso pós-desmame (GP), circunferência escrotal (CE) e escore de musculosidade (MUSC)	63
Tabela 8 - Frequência absoluta de informações para as características de peso ao nascimento (PNAS), peso ao desmame (PDES), ganho de peso pós-desmame (GP), circunferência escrotal (CE) e escore de musculosidade em função dos principais grupos genotípicos.....	65

Tabela 9 - Participação genética média e desvio-padrão (DP) de cada tipo biológico do sistema NABC, em porcentagem, de acordo com o grupo genotípico	66
Tabela 10 - Componentes de (co)variâncias e coeficientes de herdabilidade para peso ao nascimento (PNAS), peso ao desmame (PDES), ganho de peso pós-desmame (GP), circunferência escrotal (CE) e escore de musculosidade (MUSC)	68
Tabela 11 - Ganho genético anual e erro-padrão para as características de peso ao nascimento (PNAS), peso ao desmame (PDES), ganho de peso pós-desmame (GP), circunferência escrotal (CE) e escore de musculosidade (MUSC).....	70
Tabela 12 - Número de grupos genéticos (N), mínimo (MIN) e máximo (MAX) de pais “fantasmas” por grupo em cada estratégia de agrupamento genético considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) de animais sem algum registro de parentesco	75
Tabela 13 - Média (M), desvio-padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais para peso ao nascimento, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos com genealogia desconhecida	79
Tabela 14 - Média (M), desvio-padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais da última safra para peso ao nascimento, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos com genealogia desconhecida.....	80
Tabela 15 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para peso ao nascimento, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) dos animais com genealogia desconhecida	82
Tabela 16 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Spearman entre a classificação dos animais de acordo com valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para peso ao nascimento, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) com genealogia desconhecida	83

- Tabela 17 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos para indivíduos da última safra na análise genética sem e com grupos genéticos para peso ao nascimento, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) dos animais com genealogia desconhecida84
- Tabela 18 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Spearman entre a classificação dos animais da última safra de acordo com valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para peso ao nascimento, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% dos animais com genealogia desconhecida85
- Tabela 19 - Número de grupos genéticos (N), mínimo (MIN) e máximo (MAX) de pais “fantasmas” por grupo em cada estratégia de agrupamento genético considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) de animais com genealogia desconhecida para a característica de peso ao desmame ..90
- Tabela 20 - Média (M), desvio-padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais para peso ao desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos com genealogia desconhecida.....92
- Tabela 21 - Média (M), desvio-padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais da última safra para peso ao desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos com genealogia desconhecida94
- Tabela 22 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para peso ao desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) dos animais com genealogia desconhecida.....97
- Tabela 23 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Spearman entre a classificação dos animais de acordo com valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para peso ao desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) com genealogia desconhecida.....98

- Tabela 24 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos para indivíduos da última safra na análise genética sem e com grupos genéticos para peso ao desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) dos animais com genealogia desconhecida 99
- Tabela 25 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Spearman entre a classificação dos animais da última safra de acordo com valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para peso ao desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% dos animais com genealogia desconhecida 100
- Tabela 26 - Número de grupos genéticos (N), mínimo (MIN) e máximo (MAX) de pais “fantasmas” por grupo em cada estratégia de agrupamento genético para ganho de peso pós-desmame considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) de animais com genealogia desconhecida 105
- Tabela 27 - Média (M), desvio-padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais para ganho de peso pós-desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos com genealogia desconhecida 107
- Tabela 28 - Média (M), desvio-padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais da última safra para ganho de peso pós-desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos com genealogia desconhecida..... 108
- Tabela 29 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para ganho de peso pós-desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) dos animais com genealogia desconhecida 109
- Tabela 30 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Spearman entre a classificação dos animais de acordo com valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para ganho de peso pós-desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) com genealogia desconhecida..... 110

- Tabela 31 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos para indivíduos da última safra na análise genética sem e com grupos genéticos para ganho de peso pós-desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) dos animais com genealogia desconhecida111
- Tabela 32 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Spearman entre a classificação dos animais da última safra de acordo com valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para ganho de peso, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% dos animais com genealogia desconhecida.....112
- Tabela 33 - Número de grupos genéticos (N), mínimo (MIN) e máximo (MAX) de pais “fantasmas” por grupo em cada estratégia de agrupamento genético para circunferência escrotal considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) de animais sem algum registro de parentesco117
- Tabela 34 - Média (M), desvio-padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais para circunferência escrotal, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos com genealogia desconhecida.....119
- Tabela 35 - Média (M), desvio-padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais da última safra para circunferência escrotal, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos com genealogia desconhecida120
- Tabela 36 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para circunferência escrotal, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) dos animais com genealogia desconhecida.....121
- Tabela 37 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Spearman entre a classificação dos animais de acordo com valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para circunferência escrotal, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) com genealogia desconhecida122

- Tabela 38 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos para indivíduos da última safra na análise genética sem e com grupos genéticos para circunferência escrotal, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) dos animais com genealogia desconhecida . 123
- Tabela 39 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Spearman entre a classificação dos animais da última safra de acordo com valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para circunferência escrotal, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% dos animais com genealogia desconhecida 124
- Tabela 40 – Número de grupos genéticos (N), mínimo (MIN) e máximo (MAX) de pais “fantasmas” por grupo em cada estratégia de agrupamento genético para o escore de musculabilidade considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) de animais com genealogia desconhecida 129
- Tabela 41 - Média (M), desvio-padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais para o escore de musculabilidade, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos com genealogia desconhecida 131
- Tabela 42 - Média (M), desvio-padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais da última safra para o escore de musculabilidade, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos com genealogia desconhecida..... 132
- Tabela 43 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para musculabilidade, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) dos animais com genealogia desconhecida 133
- Tabela 44 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Spearman entre a classificação dos animais de acordo com valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para musculabilidade, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) com genealogia desconhecida 134

- Tabela 45 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos para indivíduos da última safra na análise genética sem e com grupos genéticos para musculosidade, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) dos animais com genealogia desconhecida..... 135
- Tabela 46 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Spearman entre a classificação dos animais da última safra de acordo com valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para musculosidade, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% dos animais com genealogia desconhecida..... 136

1 INTRODUÇÃO

O modelo misto animal, associado à obtenção de valores genéticos com propriedades de melhor preditor linear não viesado (BLUP), tem sido comumente empregado nas últimas décadas em programas de melhoramento animal devido às suas propriedades ótimas, tais como a maximização da correlação entre os valores genéticos verdadeiros e preditos; a estimação e predição não viesadas em um método único; a predição do mérito genético de indivíduos observados e não observados; além da minimização das variâncias e erros associados (GARCIA, 2004; WHITE; HODGE, 1984). Este método assume que a população base é uma amostra de animais não selecionados com distribuição normal de média zero e variância igual à variância genética. Adicionalmente, pressupõe-se que os valores genéticos dos animais-base possuem a mesma esperança, sendo diferenças genéticas oriundas de seleção e acasalamentos dirigidos contabilizadas através de informações acerca da genealogia (HENDERSON, 1973; SCHAEFFER; FREEMAN; BURNSIDE, 1975). Entretanto, estas hipóteses são violadas na presença de animais com ascendência desconhecida, provenientes de populações de mérito genético distinto da população base, visto que tais diferenças genéticas não são adequadamente niveladas por meio de dados de parentesco. Nisto, há uma conseqüente subestimação da tendência genética e predição tendenciosa dos valores genéticos na avaliação genética (HENDERSON, 1975), permitindo-se inferências errôneas sobre os resultados e, possivelmente, redução na eficiência de seleção e progresso genético do rebanho.

Neste contexto, a inclusão de grupos genéticos nos modelos de avaliação tem se apresentado como uma solução quando são assumidos dados de pedigree incompletos e/ou a existência de sub-populações geneticamente diferentes (THOMPSON, 1979). Os grupos genéticos representam os efeitos não contabilizados pelos dados de parentesco no processo de seleção dos animais, sendo atribuídos aos indivíduos cujas informações de relacionamentos genéticos são ausentes. Assim sendo, estes grupos são somente considerados para facilitar a computação das soluções das equações de modelo misto no modelo animal, de maneira que o mérito genético de cada grupo seja predito e empregado para corrigir o valor genético de cada animal com base na sua relação com o respectivo grupo genético (WESTELL; QUAAS; VAN VLECK, 1988).

Primeiramente proposto por Thompson (1979) em um modelo touro; atualmente, o agrupamento genético tem sido utilizado na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos em populações de suínos (PESKOVICOVÁ; GROENEVELD; WOLF, 2004), bovinos de leite (FAMULA; POLLAK; VAN VLECK, 1983; KENNEDY; MOXLEY, 1975; THERON; KANFER; RAUTENBACH, 2002; WESTELL; VAN VLECK, 1987) e bovinos de corte (CANTET et al., 1993). Segundo Sullivan (1995), o uso de grupos genéticos relativamente à exclusão de animais com paternidade incerta da avaliação ocasiona um aumento superior a 24% na resposta à seleção.

Os grupos genéticos são comumente definidos arbitrariamente, com base em critérios como ano de nascimento, região geográfica, informação de pedigree e caminho de seleção (QUAAS; POLLAK, 1981). De acordo com Quaas (1988), os grupos genéticos devem ser definidos de maneira que poucos grupos sejam formados, evitando-se o confundimento com os grupos de contemporâneos e demais efeitos fixos. Entretanto, os mesmos devem representar as diferenças de valor genético entre os animais e o emprego de um número pequeno de grupos nas análises pode não modelar adequadamente essa diferença genética (PESKOVICOVÁ; GROENEVELD; WOLF, 2004). Igualmente, se estratégias complexas de agrupamento são adotadas, muitos grupos com poucos animais podem ocasionar problemas de estimação (QUAAS, 1988; RODRIGUEZ; TORO; SILIÓ, 1996).

Apesar de vários estudos analisarem a inclusão dos grupos genéticos na avaliação genética (PEREZ-ENCISO; FERNANDO, 1992; PHOCAS; LALOE, 2004; SULLIVAN, 1995; THERON; KANFER; RAUTENBACH, 2002) bem como o impacto das estruturas de grupos genéticos sobre a acurácia e viés dos valores genéticos preditos (CASELLAS; PIEDRAFITA; VARONA, 2007; FAMULA; VAN VLECK, 1982); são raros os trabalhos que comparam os efeitos de diferentes estratégias de agrupamento sobre o processo de seleção de reprodutores. Faz-se, portanto, fundamental uma análise sobre as estratégias de agrupamento genético quanto à predição de valores genéticos, de maneira que se determine a estrutura de grupo genético adequada às avaliações genéticas dos rebanhos em programas de melhoramento animal.

2 HIPÓTESES

-O emprego de grupos genéticos é uma alternativa viável para a inclusão de animais sem informações de genealogia em avaliações genéticas.

-As estratégias de agrupamento genético diferem quanto à eficiência no processo seletivo de reprodutores.

3 OBJETIVOS

-Estudar as estratégias de agrupamento genético, analisando-as quanto aos seus efeitos sobre a predição dos valores genéticos.

-Definir a estratégia de agrupamento adequada às avaliações genéticas comparando-as com vistas a mudanças na eficiência no processo seletivo de reprodutores.

4 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

4.1 Melhoramento genético de bovinos de corte

Caracterizada como uma excelente fonte de proteína, ferro, zinco, tiamina, niacina e vitamina B12, com baixo valor calórico, a carne bovina é considerada um alimento de alto valor biológico (LUCHIARI FILHO, 1999). Atualmente, o país com maior consumo *per capita* deste produto é a Argentina, com uma média de 64,6 kg por ano, seguida do Uruguai e Estados Unidos, com médias de 56,1 e 40,2 kg por ano, respectivamente (UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE - USDA, 2010). Neste cenário, o Brasil configura-se como maior exportador e segundo maior produtor de carne bovina, possuindo ainda o maior rebanho comercial do mundo. Em 2010, através de um rebanho de aproximadamente 205 milhões de cabeças e abate de 32,7 milhões de unidades, a produção nacional foi de 9,3 milhões de toneladas de carne e vísceras com um consumo anual *per capita* de 39,7 kg, sendo exportado um volume de 1,6 milhões de toneladas de equivalente carcaça com conseqüente receita cambial de 4,1 bilhões de dólares. Estes valores representaram uma participação de 23% em exportações para mais de 170 países (ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNES - ABIEC, 2011).

Entretanto, apesar dos aspectos positivos relacionados à pecuária brasileira, a mesma ainda apresenta baixa eficiência, principalmente devido à baixa produtividade e precocidade do rebanho. As taxas de natalidade e desmame, de 60% e 55%, respectivamente, estão distantes dos limites considerados ideais, de 80% e 77% (EUCLIDES FILHO, 2000). A taxa de abate do Brasil, próxima a 23%, ainda é inferior aos índices de demais países de tradição no setor como Argentina (28%) e Estados Unidos (36%) (FNP CONSULTORIA & COMÉRCIO, 2008). Igualmente, enquanto em propriedades norte-americanas e européias a idade de abate dos animais é inferior a 24 meses, no Brasil são necessários 48 meses para estes atinjam entre 210 kg de peso médio de carcaça (EUCLIDES FILHO, 2000).

Segundo Luchiari Filho (2006), a adequação da pecuária brasileira a mercados de elevado poder aquisitivo exige o desenvolvimento de estratégias que envolvam desde a escolha do material genético até a padronização do produto ofertado às indústrias, principalmente quanto ao peso, idade e grau de acabamento.

Nisto, o desenvolvimento de programas de melhoramento genético, através da identificação dos melhores indivíduos a serem utilizados na reprodução, se apresenta como uma importante ferramenta no aperfeiçoamento dos índices produtivos, promovendo o ganho genético por meio de um conseqüente aumento da frequência de genótipos favoráveis na população (KOURY FILHO, 2005).

O melhoramento genético pode ser definido como a ciência que estuda as ações da genética dos indivíduos e do ambiente na determinação de suas características de interesse econômico (FERRAZ; ELER, 2010). Especificamente em bovinos, os primeiros trabalhos em melhoramento genético foram atribuídos a Robert Bakewell entre 1760 e 1795, na Inglaterra; seguidos dos estudos dos irmãos Colling, com a aplicação dos princípios de Bakewell na formação da raça Shorthorn, cujo livro de registro genealógico foi estabelecido em 1822 (LUCHIARI; MOURÃO, 2006).

No Brasil, o primeiro programa de avaliação genética de gado de corte foi estabelecido em 1951, na Estação Experimental de Sertãozinho no Estado de São Paulo, com o início de provas de ganho de peso e avaliações de touros sob orientação dos pesquisadores Dr. Barrison Villares e Dr. Fausto Pereira Lima. Atualmente, são conduzidos no país mais de 20 programas de melhoramento genético de bovinos de corte, envolvendo aproximadamente 15 raças e respondendo pela avaliação anual de cerca de 20.000 touros jovens (FRIES; FERRAZ, 2004).

Paralelamente a este crescimento, o Ministério da Agricultura emitiu em 1989 a Portaria 690, a qual oferece a isenção fiscal de animais que pertencem a um programa autorizado de avaliação genética e que se classificam, segundo critérios de seleção definidos, dentre os 20% a 30% melhores animais de cada safra; de maneira a se estimular o comércio de animais realmente superiores geneticamente.

O aumento do número de programas que desenvolvem avaliação genética juntamente à maior valorização de animais portadores de estimativas de valor genético ou diferença esperada na progênie tem contribuído para a posição de maior destaque assumida pelo melhoramento genético de bovinos de corte nos últimos anos. Além disso, com o desenvolvimento de tecnologias reprodutivas, moleculares e computacionais, tem se permitido o aumento da quantidade e qualidade das informações disponíveis a estas avaliações, com a conseqüente melhoria da acurácia destas estimativas e aceleração do progresso genético. Contudo, deve-se

ressaltar que os desafios à expansão e disseminação desta área de estudo ainda permanecem. Os touros provados correspondem a somente 5% dos reprodutores de reposição do país; e este ainda carece de programas de avaliação genética de animais cruzados (ALENCAR, 2004). Assim, estudos que visem ao adequado uso dos dados disponíveis na avaliação genética são de extremo interesse para o aumento da eficiência e produtividade dos rebanhos brasileiros.

4.1.1 Seleção

O melhoramento genético é realizado mediante a exploração das diferenças genéticas existentes entre raças e linhagens e também entre indivíduos de uma mesma raça ou linhagem, com o uso da seleção e dos sistemas de cruzamentos como principais ferramentas (MOURÃO; FORMIGONI, 2006).

A seleção consiste em escolher os animais que, pela união de seus gametas, formarão a próxima geração (FERRAZ; ELER, 2010). Dessa forma, o objetivo da seleção é permitir que os indivíduos com os melhores conjuntos de genes se reproduzam, de maneira que a próxima geração seja, em média, superior à anterior. Este procedimento tem como principal efeito a alteração das frequências alélicas nos *loci* que controlam a característica sob seleção (BOURDON, 2000).

Os resultados a serem obtidos através desta estratégia dependem primeiramente da definição dos objetivos e critérios de seleção. Denomina-se objetivo de seleção como a combinação de características economicamente importantes de acordo com um determinado sistema de produção (CARDOSO et al., 2004). De acordo com Barbosa (1997a), os objetivos do melhoramento de bovinos de corte referem-se à obtenção, a cada geração de seleção, de animais de conformação estética desejável e que sejam capazes de produzir, tanto como raça pura quanto em cruzamentos, a maior quantidade de carne de boa qualidade por unidade de produção, em regime de pastagens e boas condições de manejo, no menor tempo e custo possíveis. Por sua vez, o critério de seleção representa o conjunto de informações a respeito de uma característica ou conjunto de características em que a seleção se baseia, visando avaliar e ordenar os candidatos à seleção para a característica alvo do melhoramento (VAYEGO, 2007).

O ganho genético anual é ainda condicionado à variabilidade da característica na população, à intensidade de seleção, ao intervalo de gerações e à acurácia, a

qual se refere à habilidade em se predizer o valor genético a partir de informações fenotípicas, representando a correlação entre o valor genético estimado e o verdadeiro. A acurácia é dependente da quantidade e da qualidade dos dados empregados bem como do grau de influência do genótipo sobre determinada característica. No caso da seleção de reprodutores basear-se exclusivamente sobre o registro fenotípico, a acurácia é dada pela raiz quadrada do coeficiente de herdabilidade, parâmetro definido como a proporção da variação total de uma característica atribuída à variância genética aditiva. (BOURDON, 2000; KINGHORN; WERF; RYAN, 2006).

Visando avanços relacionados à produtividade e à qualidade de carne, mensurações referentes a medidas de peso corporal, circunferência escrotal e escore de musculosidade, têm sido adotadas por programas de avaliação genética como critérios de seleção (FERRAZ; ELER, 2010). Tais características geralmente apresentam estimativas de coeficientes de herdabilidade de medianos a altos; havendo variações de acordo com a população e as conseqüentes decisões de seleção e manejo impostas a esta (FALCONER; MACKAY, 1996). Em Mourão et al. (2007), foram estimadas herdabilidades de 0,33; 0,26; 0,17; 0,22 e 0,18 para peso ao nascimento, peso ao desmame, ganho de peso pós-desmame, circunferência escrotal e escore de musculosidade, respectivamente, em uma população de bovinos da população Montana Tropical. Herdabilidades medianas e altas, variando entre 0,12 a 0,66 para peso ao nascimento; 0,21 a 0,35 para peso ao desmame; 0,16 a 0,20 para ganho de peso pós-desmame; 0,32 a 0,39 para circunferência escrotal; e 0,13 a 0,64 para escore de musculosidade; também foram estimadas em Bennett e Gregory (1996), Boligon et al. (2010); Boligon, Mercadante e Albuquerque (2011); Bouquet et al. (2010); Brandt et al. (2010); Cardoso, Cardellino e Campos (2004); Costa et al. (2008); Garnero et al. (2010); McAllister et al. (2011); Queiroz et al. (2011); Toral et al. (2011) e Yokoo et al. (2010) em populações puras e cruzadas das raças Angus, Braunvieh, Charolês, Gelbvieh, Hereford, Limousin, Pinzgauer, Red Poll, Simental, Nelore, Blonde d'Aquitaine, Red Angus e Brahman; indicando ser o efeito genético aditivo uma importante fonte de variação nestes fenótipos.

Estas características são ainda positivamente correlacionadas a demais atributos de interesse, principalmente relacionados à reprodução e qualidade de carne. Kealey et al. (2006) determinaram correlações positivas entre circunferência escrotal e características do sêmen, como volume, concentração, motilidade e

porcentagem de sobrevivência em animais da raça Hereford. Igualmente, correlações positivas envolvendo peso ao desmame, escore de musculabilidade, circunferência escrotal, e área do músculo *Longissimus*, foram reportadas por Toral et al. (2011) e Yokoo et al. (2010) em estudos com as raças Hereford e Nelore, respectivamente. Recentemente, Barrozo et al. (2012) estimaram correlação genética de -0,57, isto é, moderada e favorável, entre circunferência escrotal e idade ao primeiro parto, em bovinos da raça Nelore. O coeficiente de correlação estabelece a força e a direção do relacionamento entre duas características, informando se determinada característica pode ou não ser influenciada pelas decisões de seleção em outra (FERRAZ; ELER, 2010).

De acordo com Ferraz e Eler (2010), os processos seletivos são de fundamental importância para o melhoramento genético animal. Contudo, o sucesso dos mesmos está condicionado à correta definição dos objetivos e critérios de seleção bem como da utilização adequada dos métodos de estimação de valores genéticos aditivos. Assim sendo, os criadores devem conhecer e confiar nos programas de avaliação genética, aprender a definir seus critérios de seleção e acasalar seus animais apropriadamente, de maneira a se obter resultados de produção e retorno econômico rapidamente.

4.1.2 Cruzamento

Um segundo método relacionado ao melhoramento genético é o uso de cruzamentos entre raças objetivando-se a exploração das diferenças raciais. Através dos cruzamentos é possível compatibilizar o genótipo de um animal para peso e tamanho e as demandas da fase do processo produtivo no qual o mesmo será utilizado (CARTWRIGHT, 1970).

A importância e emprego dos cruzamentos baseiam-se nos benefícios advindos dos fenômenos da complementaridade e da heterose. Complementaridade refere-se a uma melhoria do desempenho da progênie resultante do acasalamento de raças geneticamente diferentes, mas com atributos complementares (BOURDON, 2000). Por sua vez, a heterose pode ser definida como a superioridade dos indivíduos cruzados comparativamente aos seus pais puros. Trata-se de um fenômeno decorrente do aumento da heterozigose, ou seja, de genes de origens e ações distintas que provêm ao indivíduo maior variabilidade bioquímica e maior

possibilidade de reagir aos estímulos do meio, com um conseqüente aumento de produtividade (FERRAZ; SHIMBO, 2006).

Barbosa e Alencar (1995), com base em resultados obtidos no Brasil por vários autores, concluíram que os animais cruzados foram, em média, 15,1% superiores aos de raças puras quanto a características de crescimento; enquanto as fêmeas cruzadas foram 42,7% mais eficientes quanto à taxa de gestação. Igualmente, Williams et al. (2010) reportaram efeitos de heterose individual com valores entre 0,63 a 2,43 kg para peso ao nascimento, 3,47 e 25,93 kg para peso ao desmame, 1,49 a 14,68 kg para ganho de peso pós-desmame, 10,34 a 42,04 kg para peso de carcaça, 2,40 a 6,57 cm² para área do músculo *Longissimus*, -0,02 a 0,20 para espessura de gordura, e -0,05 a 0,30 para escore de marmoreio, em cruzamentos entre raças continentais, britânicas e zebuínas. Neste trabalho ainda foram ainda reportados ganhos em características pré-desmame no emprego de fêmeas mestiças. Evidências similares quanto aos benefícios dos cruzamentos foram apresentadas nos trabalhos de Brandt et al. (2010), Franke et al. (2001), Roso et al. (2005a) e Vergara et al. (2009).

Apesar das vantagens teóricas e das potencialidades econômicas, aspectos de ordem prática e biológica têm se constituído obstáculos à adoção dos cruzamentos, limitando ou até mesmo anulando a efetividade desta tecnologia. Dentre tais fatores, encontram-se: a pouca difusão da inseminação artificial na bovinocultura de corte brasileira, restringindo o uso de touros de raças européias nos acasalamentos; o reduzido tamanho dos rebanhos de recria, insuficiente para acomodar o número mínimo de touros exigido pelos sistemas de cruzamentos; a dificuldade de manejo imposta por cruzamentos rotacionais, que empregam duas ou mais raças alternadamente; além do aumento da proporção de genes de origem de raças européias, o que minimiza progressivamente a adaptação dos indivíduos aos trópicos e aumenta a sensibilidade dos mesmos à infestação por parasitas (FERRAZ; SHIMBO, 2006).

Neste contexto, a formação de raças sintéticas ou compostas tem sido proposta como uma alternativa para se contornar as dificuldades de implantação de esquemas sistemáticos de cruzamentos. Raças compostas são grupamentos genéticos formados pelo cruzamento de duas ou mais raças com o objetivo de explorar a heterose e a complementaridade entre elas, mantendo níveis elevados de heterose nas gerações sucessivas (FERRAZ; SHIMBO, 2006). O emprego destas

raças apresenta como principal vantagem exigências de manejo similares a rebanhos de raças puras.

De acordo com Perotto (2000), a formação de uma raça composta deve ser acompanhada da definição do tipo biológico característico da raça; das raças integrantes em função do tipo biológico do composto e da complementaridade entre as mesmas; da proporção de participação de cada raça; do sistema de acasalamentos; do tamanho efetivo do rebanho; bem como da implantação de um sistema de controle genealógico e de registro de desempenho para auxílio em seleções futuras.

Além disso, um requisito indispensável à formação de compostos ou sintéticos é o conhecimento das bases da heterose resultante do cruzamento entre as raças que formarão o composto, de forma que a superioridade das gerações iniciais dos cruzamentos em relação às médias das raças puras não se dissipem completamente nas gerações avançadas desta nova raça (PEROTTO, 2000).

Em trabalhos citados por Koch, Cundiff e Gregory (1989), o desempenho de populações sintéticas tem se comparado favoravelmente ao de outras raças, principalmente para peso ao nascimento, peso ao desmame, ganho de peso pós-desmame, espessura de gordura e área de olho de lombo. Além disso, reportaram-se que os níveis de heterose retidos pelas gerações avançadas foram proporcionais à heterozigose, exceto para características como taxa de sobrevivência, taxa de prenhez e marmoreio (KOCH et al., 1985; MORRIS et al., 1986).

Mourão et al. (2008), em estudo envolvendo uma população composta Montana Tropical, determinou valores de heterose de até 13,15 kg para peso ao desmame, 11,93 kg para peso ao ano e 1,93 kg para ganho de peso pós-desmame. Efeitos significativos de heterose foram também observados para peso ao nascimento (GREGORY; CUNDIFF; KOCH, 1991a), perímetro escrotal (GREGORY et al., 1991), peso aos 200 dias e ganho de peso pré-desmame (GREGORY; CUNDIFF; KOCH, 1991b) para os bovinos compostos MARC I, MARC II e MARC III, constituídos a partir das raças Red Poll, Hereford, Angus, Limousin, Braunvieh, Pinzgauer, Gelbvieh, Simental e Charolês. Nestes trabalhos não foram estimadas perdas de heterose acima das esperadas, sugerindo que estes efeitos são devidos apenas à dominância.

Independente do esquema de cruzamentos adotado, ganhos serão somente observados se, juntamente à implantação deste procedimento, associarem-se

estratégias de avaliação genética dos animais e reposição, descarte e venda dos mesmos. Adicionalmente, é importante que a condução dos cruzamentos seja relativamente simples e que estes se adequem às práticas de manejo da propriedade, de maneira a não interferir na eficiência do sistema produtivo (BOURDON, 2000).

Deve-se considerar ainda que, atreladas aos cruzamentos, estão às perdas por recombinação ou perdas epistáticas, as quais representam desvios da relação linear da heterose com o grau de heterozigose ocasionados pela extinção de interações favoráveis entre genes de diferentes *loci* devido à recombinação gênica (DICKERSON, 1973; KOCH et al., 1985). Fries et al. (2000) apresentaram perdas epistáticas de 9,5 kg para peso ao desmame em indivíduos F2 provenientes de cruzamentos entre as raças Brahman e Hereford, sendo estas independentes da redução da heterozigose nesta geração. Igualmente, Roso et al. (2005b) determinaram perda de 4,5 kg para ganho de peso pré-desmame em uma população formada por animais cruzados obtidos a partir das raças Angus, Blonde d'Aquitaine, Charolês, Gelbvieh, Hereford, Limousin, Maine-Anjou, Salers, Shorthorn e Simental. Efeitos de epistasia podem ser calculados como a média da heterozigose associada às raças que geraram o indivíduo (FRIES et al., 2002), assumindo-se a perda epistática como proporcional à heterozigosidade média observada nos pais, com valor máximo quando ambos os pais de um indivíduo são F1 (ROSO et al., 2005b). Apesar de algumas situações permitirem a negligência das perdas epistáticas, estudos reportam estimativas mais acuradas (ARTHUR; HEARSHAW; STEPHENSON, 1999) e maior adequação do modelo de análise genética quando estes efeitos são considerados (DEMEKE; NESER; SCHOEMAN, 2003). Entretanto, a apropriada avaliação da epistasia continua como um problema não resolvido no melhoramento genético (CUNNINGHAM, 1987).

Finalmente, faz-se necessário ressaltar que as alternativas de seleção e cruzamentos não são mutuamente exclusivas. Qualquer sistema de cruzamentos, ou esquema de formação de novas raças depende da seleção das raças puras utilizadas no processo (BARBOSA, 1997b).

4.1.3 Avaliação genética

Avaliar a qualidade genética de um animal é estimar o seu valor genético aditivo, isto é, o seu valor como reprodutor. O valor genético dos animais depende da ação dos genes envolvidos na determinação das características, do número de informações referentes aos animais avaliados, do parentesco entre os animais avaliados e as fontes de informação, além dos efeitos ambientais e a precisão com que os mesmos são identificados. A predição dos valores genéticos é ainda diretamente condicionada à estimação dos componentes de variância e covariância, principalmente devido ao cálculo do coeficiente de herdabilidade, dado que este expressa a confiabilidade do valor fenotípico como preditor do valor genético (FERRAZ; ELER, 2010).

Os modelos mistos sob modelo animal para a obtenção da melhor predição linear não-viesada (BLUP) (HENDERSON, 1949; HENDERSON et al., 1959) tem sido a abordagem adotada para a obtenção de valores genéticos na avaliação genética. Seu emprego baseia-se na consideração dos valores genéticos como efeitos aleatórios, corrigindo-se para os demais efeitos fixos contidos no modelo. Nesta abordagem tem-se ainda o envolvimento de todos os indivíduos identificados na estrutura genealógica da população, de maneira a se estabelecer os relacionamentos genéticos; possibilitando, além da predição mais precisa do mérito genético, a inclusão do coeficiente de endogamia para todos os animais avaliados, a análise de dados envolvendo múltiplas gerações, e a predição de cruzamentos não realizados.

As propriedades desta metodologia, apresentadas por White e Hodge (1984) e André (1999) referem-se à estimação e predição não-viesadas em um procedimento único; à correlação máxima entre os valores genéticos verdadeiros e preditos; à predição dos valores genéticos de indivíduos não observados; e às menores variâncias e erros dos preditores comparativamente aos obtidos pelos demais métodos.

Segundo Resende (2002), uma vez que a melhor predição linear não-viesada considera que os componentes de variância são conhecidos e que as propriedades dos preditores somente são asseguradas nestas condições, estimativas fidedignas destes são necessárias. Dentre os métodos existentes para tal finalidade, citam-se os Métodos I, II e III de Henderson (HENDERSON, 1953); o Método de Estimação

Quadrática Não-Viesada de Norma Mínima (RAO, 1970, 1971a); o Método de Estimação Quadrática Não-Viesada de Variância Mínima (RAO, 1971b); o Método da Máxima Verossimilhança (HARTLEY; RAO, 1967) e o Método da Máxima Verossimilhança Restrita (PATTERSON; THOMPSON, 1971). Destes, o Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) tem sido a metodologia comumente empregada em programas de melhoramento genético, dado que fornece estimadores não viesados e de variância mínima, permitindo ainda a imposição de restrições de não-negatividade (LOPES et al., 1993).

O REML consiste em maximizar a função densidade de probabilidade das observações em relação aos efeitos fixos e aos componentes de variância dos efeitos aleatórios do modelo; sendo cada observação dividida em duas partes independentes, uma referente aos efeitos fixos e outra aos aleatórios, de maneira que a função densidade de probabilidade das observações é dada pela soma das funções densidade de probabilidade de cada parte. As estimativas obtidas por máxima verossimilhança são, portanto, os valores dos parâmetros para os quais a probabilidade de ocorrência é máxima (SEARLE; CASELLA; McCULLOCH, 1992).

Associado a um modelo animal, com matriz de parentesco completa, o REML considera as alterações na variância genética ocasionadas pela endogamia, desequilíbrio de ligação, seleção (KENNEDY e SORENSEN, 1988) e pela tendência ou ganho genético realizado (RESENDE e ROSA-PEREZ, 2001). Adicionalmente, o REML tem se mostrado mais eficiente nas análises envolvendo dados desbalanceados em comparação aos demais procedimentos (SMITH; SAVAGE; HARPER, 1991).

O Método da Máxima Verossimilhança Restrita exige uma solução iterativa devido a não linearidade das equações. Assim, os componentes de variância interagem nas equações de modelo misto do melhor preditor linear não-viesado (BLUP - Best Linear Unbiased Predictor) até a convergência para um valor adequado (VAYEGO, 2007).

Segundo Searle (1971), o uso de modelos mistos por meio do método REML na produção de valores genéticos com propriedades BLUP introduziu notórias modificações na estimação de componentes de variância e de valores genéticos. Anteriormente, pelo método dos quadrados mínimos, a obtenção dos componentes de variâncias estava condicionada ao atendimento das pressuposições de aditividade do modelo, distribuição normal dos dados, independência e

homogeneidade dos erros; havendo ainda a impossibilidade de se estimar o valor genético de indivíduos não observados (RESENDE, 2000). Sorensen e Kennedy (1984), em trabalho com simulação de populações com características semelhantes às de suínos, observaram que as estimativas de ganho genético via seleção obtidas através da máxima verossimilhança restrita foram sempre superiores e mais próximas dos valores verdadeiros quando comparadas aos resultados computados através da metodologia de quadrados mínimos. Por sua vez, a superioridade do BLUP como preditor de valores genéticos foi reportada nos trabalhos Panter e Allen (1995), Bueno Filho (1997) e André (1999).

As principais vantagens do emprego de modelos mistos sob o método da máxima verossimilhança restrita na simultânea estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos residem na aplicação a dados desbalanceados; na não exigência de dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação; no uso simultâneo de um grande número de informações oriundas de diversos experimentos; na correção para efeitos ambientais; e na predição precisa e não viciada dos valores genéticos, conduzindo à maximização do ganho genético através da seleção (RESENDE; ROSA-PEREZ, 2001). Entretanto, deve-se ressaltar que o emprego desta metodologia pode ocasionar um aumento na endogamia, dado que há uma tendência em se selecionar animais de uma família superior geneticamente, especialmente quando o critério de seleção são características de baixa herdabilidade, nas quais a informação de parentes tem maior influência sobre a predição do valor genético (KINGHORN, WERF, RYAN; 2006).

4.2 Genealogia desconhecida na avaliação genética

O controle de dados, em qualquer atividade produtiva, constitui um dos pilares fundamentais para o aumento da produtividade, visto que permite o controle do sistema produtivo como um todo. Em um programa de melhoramento animal, esta coleta de informações se apresenta como um requisito à avaliação genética, principalmente no que se refere à correta identificação dos animais e de seus ancestrais, a qual permite o estabelecimento das relações genéticas entre os indivíduos e o conseqüente cálculo da probabilidade destes animais possuírem genes em comum (BALIEIRO; MATTOS, 2006). Entretanto, apesar de importante, este controle genealógico não é continuamente realizado devido a restrições

próprias do sistema produtivo; como o emprego de reprodutor múltiplo visando-se ao aumento da taxa de concepção, ou mesmo devido à aquisição de animais de ascendência desconhecida. Com isto, há um prejuízo na avaliação genética, visto que na ausência de informações de parentesco, não é possível nivelar adequadamente diferenças entre o mérito genético dos grupos de animais, ocasionando na produção de soluções viesadas e menos precisas dos valores genéticos (TORRES JÚNIOR, 2008).

Para contornar este problema, ou ao menos amenizá-lo, várias metodologias têm sido propostas. Baseados nas probabilidades de cada touro ser o pai verdadeiro, os primeiros trabalhos acerca do assunto foram desenvolvidos por Poivey e Elsen (1984) e Foulley, Gianola e Planchenault (1987), seguidos dos estudos de Henderson (1988) e Famula (1992) e, mais recentemente, Cardoso e Tempelman (2004a) e Sapp et al. (2007). Contudo, a inexistência de programas computacionais que abordem estas metodologias ainda tem limitado a aplicação destas em rebanhos comerciais.

Paralelamente, a informação molecular também tem sido utilizada para determinar a paternidade (HEYEN et al., 1997; VAN EENENNAAM et al., 2007; VANKAN; FADDY, 1999) e, apesar deste representar o procedimento mais acurado para lidar com a paternidade incerta, o custo e a disponibilidade do material genético são obstáculos para o amplo emprego da genética molecular na produção animal.

Assim sendo, dentre as metodologias existentes, o uso de grupos genéticos parece ser a solução mais viável para uma adequada inclusão do efeito de paternidade incerta em análises genéticas.

4.2.1 Grupos genéticos

A inclusão de grupos genéticos na avaliação de reprodutores objetiva a representação de possíveis diferenças genéticas entre os animais não contabilizadas pela ausência de informações de parentesco (WESTELL; QUAAS; VAN VLECK, 1988). Esta abordagem foi primeiramente proposta por Thompson (1979) em um modelo touro, sendo posteriormente expandida para o modelo animal em Robinson (1986) e em Westell e Van Vleck (1987). Uma simplificação destes modelos foi então demonstrada por Quaas e Pollak (1981) e Westell, Quaas e Van Vleck (1988) através de equações alternativas nas quais os efeitos de grupos

genéticos são incluídos na matriz de parentesco por meio de indivíduos fictícios, denominados de pais “fantasmas” e empregados como parentais dos animais dos diferentes grupos genéticos.

Os efeitos dos grupos genéticos representam a contribuição genética média dos pais “fantasmas” às suas progênes, sendo incluídos no cômputo do mérito genético destas e de seus descendentes. O valor genético total de cada animal, portanto, incluirá uma função específica de grupos genéticos de acordo com o relacionamento deste animal com o pai “fantasma” e conseqüentemente, com o grupo genético (WESTELL; QUAAS; VAN VLECK, 1988).

A necessidade de emprego dos grupos genéticos diminui conforme os relacionamentos genéticos entre os animais tornam-se mais completos (SCHAEFFER; FREEMAN; BURNSIDE, 1975; WESTELL; QUAAS; VAN VLECK, 1988). Kennedy e Moxley (1975) determinaram variâncias do erro de predição e média do erro de predição 18 e 11% superiores, respectivamente, para modelos de análise genética envolvendo grupos genéticos comparativamente ao uso de informações de parentesco; constatando-se ser o último especialmente vantajoso na avaliação de animais com poucos descendentes.

Em Kennedy (1981) foi demonstrado um aumento no erro quadrático médio associado a um modelo com grupos genéticos quando as diferenças genéticas entre estes foram baixas. Segundo Phocas e Laloë (2004), um modelo de avaliação genética sem grupos genéticos é preferível em termos de resposta à seleção quando a tendência genética está entre 0 a 20% do desvio-padrão genético; dado que nestes casos a inclusão do efeito fixo de grupo genético conduz a uma superestimação da predição da resposta à seleção e a um maior erro quadrático médio da diferença entre grupos. De acordo com estes autores, os grupos genéticos devem ser considerados apenas quando houver um grande número de animais por grupo, alta ligação genética entre os grupos, alta acurácia de seleção (herdabilidade e informações disponíveis) e, principalmente, diferenças genéticas expressivas entre as subpopulações de animais base.

Por sua vez, Pollack, Ufford e Gross (1977) e Tong, Kennedy e Moxley (1980), investigando as conseqüências da exclusão dos grupos genéticos de modelos de análise genética, constataram que se reais efeitos fixos são ignorados no processo de avaliação de reprodutores, as soluções para os efeitos fixos remanescentes bem como para os preditores dos efeitos aleatórios são

tendenciosos. Adicionalmente, em Theron, Kanfer e Rautenbach (2002) e Peskovcová, Groeneveld e Wolf (2004) foi observada uma redução nos valores de tendência genética e um aumento no viés quando não considerado o efeito de grupo genético na análise. Neste último trabalho, foram ainda determinadas perdas de seleção entre 0,6 a 65,9% na exclusão dos grupos genéticos do modelo.

Apesar da inserção do efeito de grupos genéticos no modelo de avaliação ocasionar significativas mudanças sobre a predição do progresso genético, o emprego desta abordagem parece não afetar a classificação dos animais de acordo com o mérito genético, com correlações de ordem dos animais variando entre 0,88 a 0,97 comparando-se a inclusão ou não dos grupos genéticos na análise (POLLAK; UFFORD; GROSS, 1977; THERON, KANFER; RAUTENBACH, 2002). Igualmente, não foram reportadas diferenças na estimação dos componentes de variância com o uso do agrupamento genético (CANTET et al., 1993).

A definição dos grupos genéticos é geralmente baseada em critérios arbitrários, tais como ano de nascimento, rebanho, ano de entrada em serviço, região geográfica ou informação de pedigree (QUAAS; POLLAK, 1981). De acordo com Quaas (1988), os grupos genéticos devem ser definidos de maneira que poucos grupos sejam formados, evitando-se o confundimento com os grupos de contemporâneos e demais efeitos fixos. Entretanto, os mesmos devem representar as diferenças de valor genético entre os animais e o emprego de um número pequeno de grupos nas análises pode não modelar adequadamente essa diferença genética (PESKOVICOVÁ; GROENEVELD; WOLF, 2004). Igualmente, se estratégias complexas de agrupamento são adotadas, muitos grupos com poucos animais podem ocasionar problemas de estimação (QUAAS, 1988; RODRIGUEZ; TORO; SILIÓ, 1996).

Segundo Westell, Quaas e Van Vleck (1987), os grupos genéticos devem ser classificados pelo sexo do animal e do pai “fantasma” ou por geração e sexo do parental desconhecido, de forma a considerar os diferenciais de seleção e intervalos de gerações distintos entre machos e fêmeas. Casellas, Piedrafita e Varona (2007), avaliando estratégias de agrupamento baseadas no sexo do parental desconhecido e no ano de nascimento do animal bem como suas combinações, constataram ser a alocação dos pais “fantasmas” em grupos de acordo com o ano de nascimento e das mães “fantasmas” em um grupo único, a estratégia adequada à avaliação de bovinos da raça Bruna dos Pirineus para peso ao desmame; dada a rápida mudança

genética nos touros do rebanho não acompanhada pelas vacas, mais longevas e, portanto, com uma taxa de substituição menor. De acordo com estes autores, a dificuldade na definição da estratégia de agrupamento está na obtenção de um equilíbrio entre a complexidade do modelo e a representação das diferenças genéticas entre os grupos.

Por sua vez, Famula e Van Vleck (1982) e Famula, Pollak e Van Vleck (1983) defendem que a estrutura de grupo genético deve estar linearmente relacionada às práticas de seleção, visto que a seleção de indivíduos fundamentada em comparações dentro de grupos genéticos não irá adicionar um viés na avaliação quando os grupos genéticos forem empregados.

Apesar de comumente empregado na avaliação genética, os resultados referentes ao uso desta abordagem ainda são inconclusivos, dado que são escassos os trabalhos que analisam a inclusão de grupos genéticos nos modelos quanto à acurácia e viés das estimativas e quanto à resposta à seleção. Há ainda uma dificuldade em se comparar estes trabalhos devido às diferenças entre os seus objetivos e consequentemente, entre os métodos utilizados.

Adicionalmente, são inexistentes estudos que avaliem as estratégias de agrupamento genético, de forma a se verificar o efeito das diferentes estruturas de grupo genético sobre a eficiência do uso desta abordagem. Assim sendo, fazem-se necessárias pesquisas que fundamentem esta metodologia para que a mesma seja adequadamente utilizada em programas de melhoramento animal e possibilite a obtenção de uma resposta máxima à seleção mesmo sob a inclusão de animais com paternidade incerta nas análises.

5 MATERIAL E MÉTODOS

5.1 Dados

Os dados foram concedidos pelo Grupo de Melhoramento Animal da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo (FZEA-USP), sendo referentes a animais de uma população Montana Tropical[®] nascidos entre os anos de 1994 e 2008, totalizando informações de 312.352 indivíduos. Estes animais estão distribuídos em 56 fazendas do Brasil e Uruguai, sendo mantidos em pastagens tropicais, em sua maioria formadas por solos ácidos com forrageiras do gênero *Brachiaria*; havendo ainda suplementação com sal mineral.

Esta população de bovinos de corte compostos é caracterizada pela contribuição genética de diversas raças agrupadas em função de sua origem genética, geográfica e de sua aptidão zootécnica em quatro tipos biológicos, denominados pela sigla NABC. O tipo biológico **N** é um agregado de raças zebuínas (*Bos indicus*), incluindo-se as raças Nelore, Gir, Guzerá, Indubrasil, Tabapuã e Boran; as quais apresentam alta rusticidade, resistência a parasitos e bom rendimento de carcaça, representadas principalmente por vacas da raça Nelore. O tipo biológico **A** é formado por raças de origem não zebuína (*Bos taurus*), originalmente adaptadas à região tropical através de seleção natural ou artificial e descendentes dos animais introduzidos pelos colonizadores. Animais destas raças, como Afrikander, Belmont Red, Bonsmara, Caracu, Romo-Sinuano e Senepol; possuem alta fertilidade e adaptabilidade ao clima tropical, além de boas características relacionadas à qualidade de carne. Taurinos de origem britânica, de raças tais como Aberdeen Angus, Hereford, Red Angus, Red Poll e South Devon, compõem o tipo biológico **B**, os quais contribuem com a precocidade sexual, acabamento, conformação frigorífica, qualidade de carcaça, de carne e de crescimento. Por fim, o tipo biológico **C** é representado por raças taurinas da Europa Continental, incluindo-se as raças Charolesa, Gelbvieh, Limousin, Pardo-Suiço, Simental etc. Estas raças têm alto potencial de crescimento, de rendimento e de qualidade de carcaça (FERRAZ; ELER; GOLDEN, 1999).

A Figura 1 ilustra os acasalamentos que originam o composto Montana Tropical[®] de acordo com o sistema NABC.

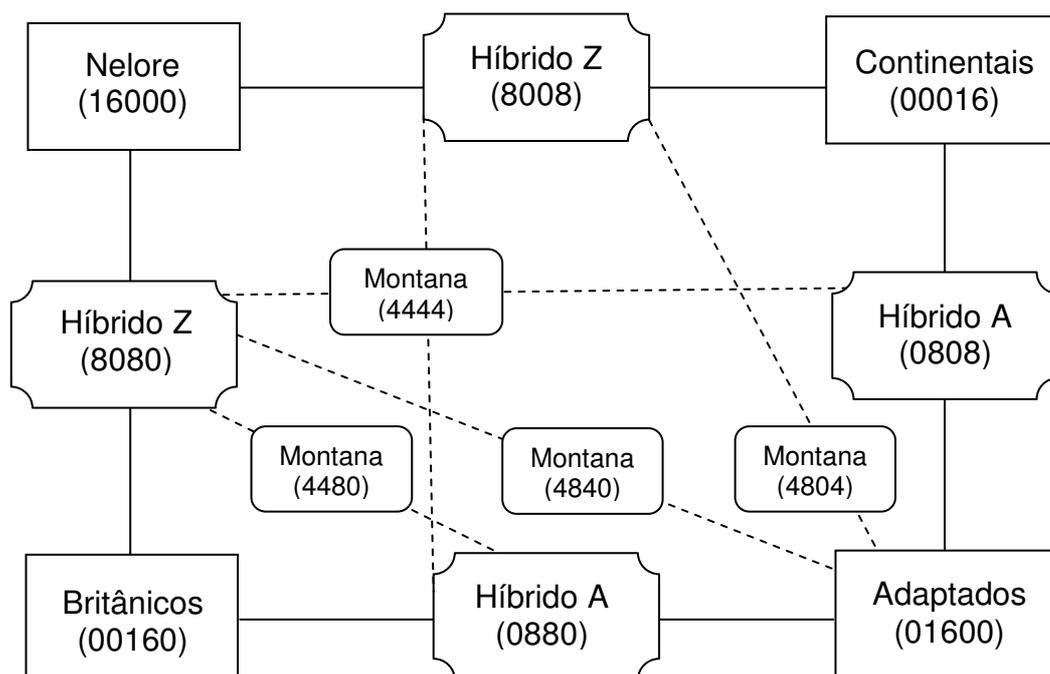


Figura 1 - Esquema de formação dos animais compostos Montana Tropical (adaptado de ELER, 2001)

Por sua vez, na Tabela 1 são apresentados os códigos dos grupos genotípicos avaliados bem como os critérios empregados para classificar os animais nestes grupos genotípicos em função da composição racial do sistema NABC.

Tabela 1 - Critérios utilizados para classificar os animais em grupos genotípicos em função da composição racial do sistema NABC

Grupo genotípico	NABC	Critério
¾	12XXX	60% < N < 90%
	X12XX	60% < A < 90%
	XX12X	60% < B < 90%
	XXX12	60% < C < 90%
Montana Tropical®	4444	18,75<N<31,25% e 18,75<A<31,25% e 18,75<B<31,25% e 18,75<C<31,25%
	4480	18,75<N<31,25% e 18,75<A<31,25% e 43,75<B<56,25% e C<6,25%
	4804	18,75<N<31,25% e 43,75<A<56,25% e B<6,25% e 18,75<C<31,25%
	4840	18,75<N<31,25% e 43,75<A<56,25% e 18,75<B<31,25% e C<6,25%
	MMMM	N<37,25% e 12,50<A<87,50% e B≤75% e C≤75% e (N+A)≥25% e (B+C)≤75%
Puro	16000	N≥90%
	01600	A≥90%
	00160	B≥90%
	00016	C≥90%
F ₁	8800	40≤N≤60% e 40≤A≤60%
	8080	40≤N≤60% e 40≤B≤60%
	8008	40≤N≤60% e 40≤C≤60%
Outros	XXXX	Toda composição que não atende às condições anteriores

*Toda composição que não atende às condições anteriores para Montana Tropical®.

No banco de dados constavam as informações referentes à identificação dos animais, o rebanho, a data de nascimento, os pais, os grupos de contemporâneos (GC), além das características de interesse, referentes aos pesos ao nascimento (PNAS, kg) e ao desmame (PDES, kg, 205 dias), ganho de peso pós-desmame (GP, kg, de 205 a 420 dias), circunferência escrotal (CE, cm, 420 dias) e o escore de musculabilidade (MUSC, ponto, 420 dias); as quais são utilizadas no cálculo do índice de seleção (M) do programa de melhoramento da raça, o qual é dado por:

$$M = \left(\frac{PNAS}{0,5595728} \right) + 3 \left(\frac{PDES}{6,0936898} \right) + 4 \left(\frac{GP}{1,5776450} \right) + \left(\frac{CE}{0,5307782} \right) + \left(\frac{MUSC}{0,061376} \right) \quad (1)$$

A característica de ganho de peso pós-desmame foi calculada por:

$$GP = \frac{PANO - PDES}{NDEP * 215} \quad (2)$$

em que GP é o ganho de peso do desmame ao sobreano em 215 dias, PANO é o peso aos 420 dias, PDES é o peso ao desmame, NDEP é o número de dias entre as pesagens.

Os grupos de contemporâneos (GC) foram formados concatenando-se a safra de nascimento, o sexo do animal, a fazenda e o grupo de manejo nas respectivas fases de mensuração, de acordo com Mourão et al. (2007). Para ganho de peso pós-desmame, os grupos de contemporâneos foram compostos pelas informações de fazenda de desmame, fazenda de sobreano, safra de nascimento, sexo, grupo de manejo ao desmame e grupo de manejo ao sobreano.

5.2 Simulação e grupos genéticos

Este estudo foi desenvolvido em três etapas principais. Primeiramente, foram obtidas as estimativas de parâmetros genéticos e predições de valores genéticos referentes a características produtivas em uma amostra de bovinos compostos com dados de pai e mãe disponíveis. Posteriormente, estas análises foram refeitas simulando-se que uma determinada proporção de indivíduos desta mesma população não possuía informações acerca de seu parentesco, sendo tais informações substituídas pela atribuição de pais “fantasmas”, os quais, por sua vez, foram alocados em grupos genéticos de acordo com o critério adotado. Nesta etapa, foram obtidas as predições para cada estratégia de agrupamento genético estudada. Por fim, as estratégias de agrupamento foram analisadas comparativamente aos resultados obtidos na primeira etapa, avaliando-se a eficiência de seleção, predição dos valores genéticos e classificação dos animais de acordo com os valores genéticos preditos; de forma a se definir a estratégia de agrupamento genético adequada ao uso em programas de melhoramento animal. Os valores genéticos preditos a partir de dados de animais com genealogia completa foram assumidos, portanto, como “controle”; sendo os demais resultados analisados em relação a estes (Figura 2).

Dessa forma, foi necessária a obtenção de uma população de animais com parentesco conhecido para cada característica estudada. Além disso, tal população deveria possuir informações sólidas e confiáveis para o desenvolvimento adequado das análises genéticas. Para tanto, foram efetuadas análises de consistência e

preparação do banco de dados, eliminando-se as informações referentes aos animais:

- com pais e/ou mães desconhecidos ou filhos de reprodutor múltiplo;
- pertencentes a GC com menos de vinte animais com mensurações válidas e/ou pertencentes a GC em que os animais eram progênies de apenas um touro;
- pertencentes a GC formados por apenas uma composição racial;
- com composição racial não compatível com a dos pais ou que excedessem 5% de erro em uma ou mais frações da composição racial;
- sem nenhum dado de produção mensurado;
- com classe de idade da mãe ao parto (CIMP, Tabela 2) desconhecida;
- com informações fora da amplitude aceitável (mais ou menos três desvios-padrão, Tabela 3).

Considerando-se a característica de ganho de peso pós-desmame, foram ainda eliminados os animais sem as mensurações de peso ao desmame e ao sobreano; sem as informações de idade à mensuração; ou cujo intervalo de pesagens foi menor que 60 dias.

Ao final da preparação do banco de dados, o mesmo possuía 172.145, 179.302, 61.948, 29.825 e 70.302 observações para peso ao nascimento, ao desmame, ganho de peso pós-desmame, circunferência escrotal e escore de musculabilidade, respectivamente. Foram ainda considerados 1.663 grupos de contemporâneos para peso ao nascimento, 2.316 para peso ao desmame, 1.138 para ganho de peso pós-desmame, 415 para circunferência escrotal e 775 para o escore de musculabilidade.

Tabela 2 - Idade (em meses) mínima e máxima consideradas para cada classe de idade da mãe ao parto (CIMP)

CIMP	Idade (meses)	
	Mínima	Máxima
C ₁		27
C ₂	>27	41
C ₃	>41	59
C ₄	>59	119
C ₅	>119	143
C ₆	>143	167
C ₇	>167	

Tabela 3 - Mínimo e máximo aceitável das medidas e idades à mensuração (em dias) para a manutenção da informação no banco de dados para peso ao nascimento (PNAS), ao desmame (PDES), ganho de peso pós-desmame (GP), circunferência escrotal (CE) e escore de musculabilidade (MUSC)

Característica	Medida aceitável		Idade aceitável (dias)	
	Mínima	Máxima	Mínima	Máxima
PNAS (kg)	21	45
PDES (kg)	95	305	145	265
GP (kg)	-47,0	199,4	140	490
CE (cm)	18,5	38,5	345	495
MUSC (pontos)	1,0	6,0	345	495

Para o estudo das estratégias de agrupamento genético, foram atribuídos pais “fantasmas” a indivíduos escolhidos aleatoriamente nesta amostra, simulando-se que os mesmos possuíam genealogia desconhecida. Três abordagens foram avaliadas para cada estratégia de agrupamento: 10% (GG10), 30% (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos foram aleatoriamente assumidos como animais com genealogia desconhecida. Dentro destas proporções, ignorou-se a informação de mãe, pai ou ambos de 1%, 74% e 25% dos animais, respectivamente, de acordo com a estrutura do pedigree da população empregada (Tabela 4). Em cada abordagem foram realizadas 100 simulações (com conseqüentes 100 sorteios), de maneira a se obter resultados não condicionados aos indivíduos sorteados para a atribuição do pai “fantasma”. Os animais foram sorteados pelo procedimento PROC

SURVEYSELECT, do pacote estatístico SAS®, utilizando-se o método de amostragem simples, no qual todos os indivíduos apresentam a mesma probabilidade de serem escolhidos uma única vez em cada sorteio.

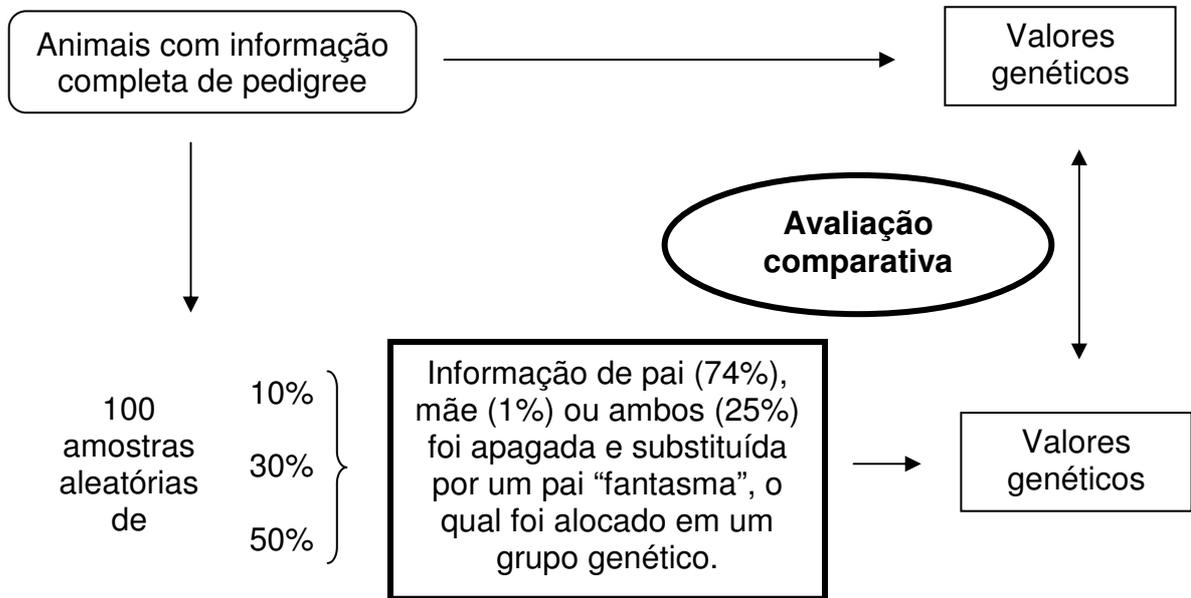


Figura 2 - Esquema do processo de simulação para a avaliação das estratégias de agrupamento genético

Cada pai “fantasma” é considerado parental de um único animal, sendo alocado em um grupo genético de maneira a se contabilizar possíveis efeitos de seleção não contabilizados pelas relações de parentesco, as quais estão ausentes (WESTELL; QUAAS; VAN VLECK, 1988). Assim, foram escolhidos para avaliação critérios de agrupamento que possivelmente considerassem adequadamente as diferenças genéticas oriundas do processo seletivo. Esta escolha foi ainda baseada nos trabalhos de Cantet et al. (1993); Casellas, Piedrafita e Varona (2007); Kennedy (1981); Peskovicová, Groeneveld e Wolf (2004); Westell e Van Vleck (1987); e Theron, Kanfer e Rautenbach (2002). Portanto, as estratégias de agrupamento analisadas foram:

-Safr de nascimento (SAF) do animal com paternidade desconhecida: a safr de nascimento é usualmente empregada em programas de melhoramento genético por melhor sumarizar os efeitos ambientais ao nascimento comparativamente ao ano de nascimento. Assim sendo, apesar de nascidos entre os anos de 1994 e 2008, aos

animais foi atribuída uma informação de safra, variando de 1995 a 2007. Neste caso, foram formados, no máximo, 13 grupos genéticos.

-Sexo do parental desconhecido (SEX): de acordo com este critério, foi possível a formação de três grupos genéticos, sendo um grupo composto somente por pais “fantasmas”, outro grupo representado por mães “fantasmas”, e um terceiro grupo destinado a pais e mães “fantasmas” atribuídos a indivíduos sem qualquer informação de genealogia.

-Origem (fazenda de nascimento, FAZ) do animal com paternidade desconhecida.

-Safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido (SAFSEX).

-Safra de nascimento e origem do animal (SAFFAZ).

-Origem do animal e sexo do parental desconhecido (FAZSEX).

-Safra de nascimento, origem do animal e sexo do parental desconhecido (SAFFAZSEX);

-Caminho de seleção (SEL): os grupos genéticos foram estruturados em função do sexo do indivíduo e do seu parental, cuja informação está ausente. Desta forma, obtiveram-se seis grupos: mãe-filho, mãe-filha, pai-filho, pai-filha, mãe/pai-filho, mãe/pai-filha. Esta análise apenas não foi realizada para circunferência escrotal; dado que esta característica é apenas mensurada em machos e, portanto, os resultados desta estratégia seriam similares aos obtidos pela estratégia referente ao sexo do parental desconhecido.

-Composição racial (RACA): os grupos genéticos foram formados seguindo-se os grupos genotípicos organizados através do sistema NABC, descritos na Tabela 1.

Para os animais-base, isto é, para os animais fundadores do rebanho, foi atribuído um grupo genético único, independente da estratégia empregada. O mesmo grupo genético foi usado para pai “fantasma” e mãe “fantasma” quando ambos os parentais do animal eram desconhecidos, igualmente ao adotado em Peskovicová; Groeneveld e Wolf (2004).

Tabela 4 - Número de indivíduos sorteados em cada conjunto de dados para a atribuição de um pai “fantasma” em substituição da informação de mãe, de pai e de ambos os parentais* considerando-se a proporção de 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) de animais com genealogia desconhecida

Característica**	Abordagem	Sem mãe	Sem pai	Sem ambos	Total
PNAS	GG10	172	12.739	4.304	17.215
	GG30	516	38.217	15.057	53.790
	GG50	861	63.693	21.519	86.073
PDES	GG10	179	13.268	4.483	17.930
	GG30	538	39.805	13.447	53.790
	GG50	896	66.342	22.413	89.651
GP	GG10	62	4.584	1.549	6.195
	GG30	186	13.752	4.646	18.584
	GG50	310	22.921	7.743	30.974
CE	GG10	30	2.207	745	2.982
	GG30	90	6.622	2.236	8.948
	GG50	149	11.035	3.728	14.912
MUSC	GG10	70	5.202	1.758	7.030
	GG30	211	15.607	5.273	21.091
	GG50	352	26.012	8.787	35.151

*Não estão incluídos os animais-base, apenas o montante de animais com mensurações válidas cujas informações de parentesco foram apagadas na simulação para as análises com grupos genéticos.

**PNAS = peso ao nascimento; PDES = peso ao desmame; GP = ganho de peso pós-desmame; CE = circunferência escrotal, MUSC = escore de musculabilidade.

Tabela 5 - Número de pais “fantasmas” considerando as proporções de 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) de indivíduos sem registros de genealogia (mãe, pai ou ambos)*

Característica**	Número de pais “fantasmas”		
	GG10	GG30	GG50
PNAS	21.519	68.847	107.592
PDES	22.413	67.237	112.064
GP	7.744	23.230	38.717
CE	3.727	11.184	18.640
MUSC	8.788	26.364	43.938

*Não foram incluídas as informações referentes aos animais-base.

** PNAS = peso ao nascimento; PDES = peso ao desmame; GP = ganho de peso pós-desmame; CE = circunferência escrotal, MUSC = escore de musculabilidade.

5.3 Análise genética

A análise genética empregando-se animais com informações de parentesco conhecidas foi baseada no seguinte modelo matemático:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{W}\mathbf{m} + \mathbf{S}\mathbf{c} + \boldsymbol{\varepsilon} \quad [3]$$

Em que: \mathbf{y} é o vetor da variável resposta; \mathbf{X} é a matriz de incidência dos efeitos fixos, associando os elementos de $\boldsymbol{\beta}$ à \mathbf{y} ; $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor de efeitos fixos; \mathbf{Z} , \mathbf{W} e \mathbf{S} são as matrizes de incidência dos efeitos aleatórios, associando respectivamente os elementos de \mathbf{a} , \mathbf{m} e \mathbf{c} à \mathbf{y} ; \mathbf{a} é o vetor de efeitos aleatórios aditivos diretos; \mathbf{m} é o vetor de efeitos aleatórios aditivos maternos; \mathbf{c} é o vetor de efeitos aleatórios não correlacionados do ambiente permanente materno; e $\boldsymbol{\varepsilon}$ é o vetor de efeito residual inerente a cada observação, NID $(0, \sigma^2)$. Incluídos no vetor $\boldsymbol{\beta}$, igualmente ao proposto em Mourão et al. (2008), estão os efeitos classificatórios de grupo de contemporâneos e classe de idade da mãe ao parto; e como covariáveis os efeitos genéticos aditivos diretos e maternos referentes às frações dos tipos biológicos; os efeitos não aditivos das heterozigoses direta e materna e o efeito de idade à mensuração, este último à exceção para peso ao nascimento. Os efeitos aleatórios aditivos maternos e não correlacionados do ambiente permanente materno foram apenas considerados para peso ao nascimento e ao desmame.

A matriz de parentesco foi construída a partir de arquivos de pedigree específicos para cada conjunto de dados referente a uma característica, os quais são descritos na Tabela 6. Ressalta-se que os arquivos de pedigree incluem as informações de animais puros, os quais são os fundadores desta população composta, cruzados e compostos. O número de gerações foi calculado baseado na metodologia descrita por Brinks, Clark e Rice (1961), considerando-se a primeira geração como um.

Tabela 6 - Número de animais, vacas, touros e gerações, considerados na matriz de parentesco empregada na análise genética de peso ao nascimento (PNAS), peso ao desmame (PDES), ganho de peso pós-desmame (GP), circunferência escrotal (CE) e escore de musculosidade (MUSC)

Característica	Animais	Vacas	Touros	Gerações
PNAS	269.336	117.377	2.453	7,60
PDES	276.742	118.520	2.438	7,42
GP	113.176	56.813	1.880	7,41
CE	68.254	36.921	1.695	7,39
MUSC	123.770	60.818	1.964	7,42

A análise genética com a inclusão de grupos genéticos para animais com dados de genealogia incompleta foi realizada através do seguinte modelo matemático:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{W}\mathbf{m} + \mathbf{S}\mathbf{c} + \mathbf{Z}\mathbf{Q}_1\mathbf{g} + \boldsymbol{\varepsilon} \quad [4]$$

o qual inclui todos os efeitos do modelo [3], adicionando-se o vetor \mathbf{g} referente ao efeito fixo de grupos genéticos e a matriz de incidência \mathbf{Q}_1 , que relaciona os animais aos efeitos de grupos genéticos.

As estimativas de componentes de (co)variância foram obtidas através do procedimento de máxima verossimilhança restrita, utilizando o pacote computacional VCE (GROENEVELD; KOVAC; MIELENZ, 2008), empregando o modelo [3]. Estes componentes foram posteriormente utilizados na predição dos valores genéticos pelo programa PEST (GROENEVELD; KOVAC; MIELENZ, 2009) considerando-se os modelos matemáticos [3] e [4].

As tendências genéticas das características foram estimadas por intermédio da regressão dos valores genéticos em relação à unidade de tempo (safra de nascimento). O coeficiente de regressão obtido foi considerado como a tendência genética média da característica. Estas análises de regressão foram efetuadas utilizando-se o procedimento PROC REG, do SAS[®], através do modelo matemático:

$$y_{ij} = \mu + b(x_{ij} - \bar{x}) + e_{ij} \quad [5]$$

Em que: y_{ij} é o valor genético predito do j -ésimo animal da i -ésima safra de nascimento; μ é a constante da equação, b é o coeficiente angular associado à safra de nascimento, x_{ij} é a i -ésima safra de nascimento do j -ésimo animal; \bar{x} é a média da safra de nascimento; e_{ij} é o resíduo aleatório, NID $(0, \sigma^2)$.

5.4 Análise comparativa

A definição da estrutura de grupo genético adequada à avaliação dos animais foi baseada na eficiência e perda de seleção, e na comparação entre os valores genéticos quanto aos seus valores absolutos e quanto à classificação dos animais. Nestas análises foi assumido que a seleção de reprodutores baseada na predição dos valores genéticos para os animais com genealogia conhecida ocasiona uma resposta genética máxima, enquanto a avaliação de qualquer conjunto de animais com informações incompletas de parentesco, mesmo com o emprego de grupos genéticos, resulta em uma redução desta resposta.

Assim sendo, a eficiência de seleção (ES) foi calculada por:

$$ES = 100 \times \frac{\text{media}_{GG_SGG}}{\text{media}_{SGG_SGG}} \quad [6]$$

Em que: media_{GG_SGG} é a média dos valores genéticos obtidos pelo modelo [3] para os 10, 20 e 50% melhores animais selecionados de acordo com os valores genéticos preditos pelo modelo [4] para cada estratégia de agrupamento estudada; e media_{SGG_SGG} é a média dos valores genéticos obtidos pelo modelo [3] para os 10,

20 e 50% melhores animais selecionados de acordo com os valores genéticos preditos pelo mesmo modelo [3].

Igualmente, a perda de seleção (PS) para cada estrutura de grupo genético empregada foi estimada por:

$$PS = 100 - ES \quad [7]$$

Ainda com vistas a mudanças na eficiência do processo seletivo de reprodutores, os resultados obtidos através dos modelos [3] e [4] foram comparados pelos métodos de Pearson e Spearman, sendo que o primeiro correlacionou os valores genéticos dos animais e o segundo, o ranking dos mesmos, com o uso do procedimento PROC CORR do pacote estatístico SAS[®].

As estimativas de eficiência e perda de seleção bem como as correlações foram obtidas considerando-se: *i)* todos os animais com mensurações válidas para uma determinada característica; *ii)* utilizando-se apenas os dados dos animais nascidos na última safra, os quais estariam efetivamente sob seleção.

Dessa forma, foi definida como estratégia de agrupamento adequada à avaliação e seleção de reprodutores aquela que ocasionou maior eficiência de seleção, menor perda de seleção e maiores valores de correlação de Pearson e Spearman quando comparados às demais estratégias de agrupamento estudadas. Adicionalmente, verificou-se a estabilidade na produção dos resultados independente da amostra de animais sorteados para a atribuição do pai “fantasma”; de maneira a se obter conclusões objetivas acerca das estratégias.

Visto que foram realizadas análises genéticas para 100 amostras sob cada estratégia de agrupamento e cenário de simulação de parentesco desconhecido, sendo obtido igual número de valores de eficiência de seleção e correlações de Pearson e Spearman, foi necessário resumir estes resultados em algumas medidas de posição e dispersão, permitindo-se uma melhor visualização e discussão destas estimativas.

Para avaliar as estratégias empregando os parâmetros conjuntamente, foi realizada uma análise de agrupamento pelo método hierárquico da distância média, utilizando-se como variáveis as médias das perdas de seleção e das correlações bem como os seus respectivos desvios-padrão. Para que as variáveis apresentassem a mesma influência no cálculo da distância quadrática Euclidiana,

estas foram padronizadas de maneira a possuírem médias zero e variâncias igual a um. Os resultados foram apresentados em dendrogramas produzidos através do procedimento PROC CLUSTER do pacote estatístico SAS[®], o qual foi empregado nestas análises.

6 RESULTADOS E DISCUSSÃO

6.1 Descrição dos dados

As estatísticas descritivas dos dados são apresentadas na Tabela 7. As médias foram similares às obtidas em Mourão (2005) em estudo na mesma população. Por sua vez, os desvios-padrão e os coeficientes de variação calculados em Mourão (2005) foram menores para todas as características, apesar das maiores restrições impostas na editoração dos dados neste trabalho. O aumento destes valores é provavelmente devido a um maior número de informações disponíveis para análise, sendo também um indicativo de um aumento na variabilidade fenotípica da população, situação recorrente no uso de cruzamentos como ferramenta no melhoramento genético.

Das características estudadas, destaca-se o coeficiente de variação referente ao ganho de peso pós-desmame, acima do intervalo considerado comum na experimentação animal, entre 20 e 30% (SAMPAIO, 2007). Esta variação é consequência da pesagem tardia efetuada nestes rebanhos, aos 14 meses de idade, a qual contribui, principalmente, para a perda de peso dos animais.

Tabela 7 - Número de observações (N), média, desvio-padrão (DP), coeficiente de variação (CV, %), valores mínimos e máximos obtidos para peso ao nascimento (PNAS), peso ao desmame (PDES), ganho de peso pós-desmame (GP), circunferência escrotal (CE) e escore de musculabilidade (MUSC)

Característica	N	Média	DP	CV (%)	Mínimo	Máximo
PNAS (kg)	172.145	32,86	4,504	14	21	45
PDES (kg)	179.302	198,91	36,504	18	95	303
GP (kg)	61.948	75,46	44,470	59	-46,7	199,4
CE (cm)	29.825	28,55	3,877	14	18,5	38,5
MUSC (pontos)	70.302	4,12	1,061	26	1,0	6,0

Comparativamente a trabalhos envolvendo animais da raça Nelore, a mais representativa nos rebanhos brasileiros, esta população apresentou melhor desempenho para peso ao nascimento (BOLIGON et al., 2010; CUBAS et al., 2001; ELER et al., 1995); peso ao desmame (CUBAS et al., 2001; GONÇALVES et al., 2011; YOKOO et al., 2010); circunferência escrotal (FORNI; ALBUQUERQUE, 2005;

YOKOO et al., 2010) e escore de musculosidade (FORNI; FEDERICI; ALBUQUERQUE, 2007; SHIOTSUKI et al., 2009). Tais diferenças são oriundas do manejo distinto destes rebanhos bem como dos efeitos genéticos aditivos e não-aditivos resultantes do uso de diversas raças na composição do bovino Montana Tropical®. Mourão et al. (2008) reportou acréscimos (erro-padrão) de 7,83 kg (2,08) proveniente de cruzamentos entre raças zebuínas e continentais, 9,78 kg (1,02) entre raças adaptadas e britânicas, 13,15 kg (1,96) entre raças adaptadas e continentais, e 12,66 kg (1,94) para cruzamentos entre raças britânicas e continentais para peso ao desmame, além de uma contribuição negativa à característica derivada de cruzamentos entre raças zebuínas e adaptadas, com um efeito de -3,97 kg (1,25). Efeitos aditivos e não-aditivos positivos para peso ao nascimento, peso ao desmame e ganho de peso pós-desmame foram também apresentados em Roso et al. (2005a) e Williams et al. (2010), principalmente devido a cruzamentos entre raças zebuínas e européias, e ao emprego de raças continentais, conhecidas pelo grande tamanho e potencial de crescimento.

Por sua vez, Cardoso e Tempelman (2004b) determinaram médias maiores para ganho de peso pós-desmame para progênie de cruzamentos entre animais das raças Nelore e Hereford, com valores de 92,5 a 105,2 kg. Desempenhos superiores ao deste trabalho também foram reportados por Brandt et al. (2010), com valores de peso ao nascimento de 43,9 e 42,1 kg; e valores de peso ao desmame de 289 e 269 kg para animais cruzados Angus x Simental e Simental x Angus, respectivamente. Apesar do presente estudo incluir animais cruzados, deve-se considerar que a população é formada em sua maioria por animais compostos, na qual há perdas de heterozigose e perdas epistáticas não observadas em populações majoritariamente F1 (GREGORY; CUNDIFF, 1999).

A composição racial da população (Tabela 8) não se alterou em relação ao descrito anteriormente (MOURÃO et al., 2007), permanecendo uma predominância de animais do grupos genotípicos 4840 e 8080. O número predominante de animais com maior participação de raças adaptadas na formação se deve a um interesse em se explorar as características de carcaça e qualidade de carne complementares às de raças zebuínas sem se abdicar da adaptabilidade destas raças ao clima tropical e da possibilidade de emprego da monta natural. Da mesma forma, a elevada quantidade de animais F1, cruzados produtos de cruzamentos entre touros zebuínos

e britânicos, objetiva a exploração da distância genética entre estas raças e da heterose máxima oriunda destes acasalamentos.

Tabela 8 - Frequência absoluta de informações para as características de peso ao nascimento (PNAS), peso ao desmame (PDES), ganho de peso pós-desmame (GP), circunferência escrotal (CE) e escore de musculosidade em função dos principais grupos genotípicos*

Grupo genotípico	PNAS	PDES	GP	CE	MUSC
12XXX	2.161	2.572	467	107	433
X12XX	108	97	25	15	36
XX12X	2.680	2.590	649	364	603
XXX12	152	157	23	8	27
4444	11.499	12.159	5.401	2.918	6.168
4480	3.026	2.842	1.369	695	1.558
4804	16.720	16.553	7.333	3.519	8.310
4840	39.289	41.656	18.153	10.459	21.410
MMMM	39.987	39.421	13.491	9.145	18.491
16000	4.418	4.589	98	92	93
01600	438	362	176	110	245
00160	2.309	2.175	392	207	257
00016	2	1
8800	2.265	2.345	601	144	576
8080	35.407	38.886	10.569	1.295	9.015
8008	4.662	5.236	1.200	166	1.029
XXXX	7.022	7.661	2.001	581	2.051
Total de animais	172.145	179.302	61.948	29.825	70.302
Total de GCs	1.663	2.316	1.138	415	775

*Definidos na tabela 1.

A participação dos tipos biológicos em cada grupo genotípico (Tabela 9) correspondeu aos critérios apresentados na tabela 2, havendo pouca variação dentro dos grupos. Neste sentido, os maiores desvios-padrão foram observados para os grupos de animais $\frac{3}{4}$ (12XXX, X12XX, XX12X e XXX12), animais Montana Tropical[®] que não se enquadravam nos demais grupos (MMMM) e para os indivíduos que não são classificados como Montana Tropical[®] e não se adequavam

aos demais grupos estabelecidos (XXXX). Estes resultados são consequência dos limites mais abrangentes adotados para a inclusão nestes grupos, ocasionando com o que os mesmos sejam mais desuniformes quanto à composição racial. Este padrão foi também reportado em Mourão et al. (2007).

Tabela 9 - Participação genética média e desvio-padrão (DP) de cada tipo biológico do sistema NABC, em porcentagem, de acordo com o grupo genotípico*

Grupo genotípico	Composição média (DP)			
	N	A	B	C
12XXX	70,7 (7,68)	8,4 (10,53)	11,3 (9,78)	8,8 (9,67)
X12XX	24,9 (3,89)	74,6 (2,11)	0,4 (3,32)	0,0 (0,00)
XX12X	10,7 (13,48)	0,9 (4,14)	73,2 (7,94)	73,2 (10,89)
XXX12	29,1 (7,37)	0,0 (0,00)	1,2 (4,72)	69,2 (6,75)
4444	25,0 (0,37)	25,0 (0,23)	25,0 (0,40)	25,0 (0,47)
4480	24,9 (0,53)	25,0 (0,15)	50,0 (0,59)	0,0 (0,36)
4804	25,0 (0,26)	50,0 (0,07)	0,0 (0,09)	25,0 (0,27)
4840	25,0 (0,33)	50,0 (0,12)	25,0 (0,26)	0,0 (0,19)
MMMM	21,4 (10,58)	45,6 (19,00)	21,6 (15,39)	10,3 (8,72)
16000	99,9 (0,64)	0,0 (0,09)	0,0 (0,25)	0,0 (0,38)
01600	1,3 (1,95)	97,2 (3,64)	0,6 (1,20)	0,4 (0,99)
00160	0,1 (0,82)	0,02 (0,351)	99,6 (1,78)	0,3 (1,27)
00016	6,0 (0,00)	0,0 (0,00)	0,0 (0,00)	93,0 (0,00)
8800	49,6 (1,62)	50,0 (0,40)	0,2 (1,07)	0,2 (0,89)
8080	49,9 (0,75)	0,0 (0,23)	50,0 (0,50)	0,0 (0,39)
8008	50,0 (0,42)	0,0 (0,17)	0,0 (0,42)	50,0 (0,47)
XXXX	39,1 (15,11)	7,2 (13,17)	32,1 (14,17)	21,2 (11,77)

*Definidos na Tabela 1.

6.2 Estudo genético da população

6.2.1 Parâmetros genéticos

Os coeficientes de herdabilidade estimados foram de medianos a altos, à exceção do parâmetro estimado para ganho de peso pós-desmame, o qual foi baixo (Tabela 10). Entretanto, estes valores foram menores aos reportados em trabalhos envolvendo raças puras. Boligon et al. (2010) determinaram herdabilidades de 0,33 para peso ao desmame e 0,39 para perímetro escrotal em uma população da raça Nelore. Igualmente, coeficientes de herdabilidade de 0,34 e 0,57 para peso ao nascimento e circunferência escrotal, respectivamente; foram estimados por Kealey et al. (2006) em estudo envolvendo touros da raça Hereford. Para o escore de musculabilidade, estas estimativas variaram de 0,18 a 0,49 em rebanhos da raça Nelore (ELER; FERRAZ; SILVA, 1996; REGATIERI; BOLIGON; ALBUQUERQUE, 2011; VAN MELIS et al., 2003; YOKOO et al., 2009). Maiores valores de herdabilidade nestas características também foram reportados em Bouquet et al. (2010), Martínez-González et al. (2010) e McAllister et al. (2011). De acordo com Mourão (2005), deve ser ressaltado que geralmente em bovinos cruzados e compostos, a importância da heterose apresenta-se inversamente proporcional aos coeficientes de herdabilidade da característica analisada, sendo comum uma redução nestes em relação aos estimados em populações de raças puras. Gregory, Cundiff e Koch (1995a), trabalhando com rebanhos puros e compostos também observaram valores menores de herdabilidade nos últimos para algumas características. No entanto, como os valores foram próximos, não foi possível afirmar a existência desta tendência.

Deve-se considerar ainda que variações entre os estudos podem ser devidas a diferenças genéticas entre as populações, em suas estratégias de seleção e práticas de manejo (FALCONER; MACKAY, 1996). Ao escore de musculabilidade tem-se a adicional influência do observador, visto que se trata de uma característica avaliada subjetivamente (QUEIROZ et al., 2011).

Por sua vez, estas estimativas são similares às apresentadas em Mourão et al. (2007) para a mesma população, com valores de 0,27 para peso ao nascimento; 0,22 para peso ao desmame; 0,12 para ganho de peso pós-desmame; 0,22 para

circunferência escrotal; e 0,15 para o escore de musculabilidade. Os coeficientes de herdabilidade determinados por Gregory, Cundiff e Koch (1995a,b) também foram próximos aos deste trabalho, com valores de 0,37 e 0,26 para peso ao nascimento e 0,31 e 0,27 para peso ao desmame, considerando apenas os animais compostos MARC I, MARC II e MARC III. Contudo, as herdabilidades obtidas para ganho de peso pós-desmame foram maiores, com estimativas de 0,48 e 0,37. Segundo Mourão (2005), esta divergência de valores pode ser consequência de uma dificuldade dos modelos em discernir entre os efeitos aditivos e não-aditivos nesta característica.

Tabela 10 - Componentes de (co)variâncias e coeficientes de herdabilidade* para peso ao nascimento (PNAS), peso ao desmame (PDES), ganho de peso pós-desmame (GP), circunferência escrotal (CE) e escore de musculabilidade (MUSC)

Característica	σ_a^2	σ_m^2	σ_{am}	σ_{ep}^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2	h_m^2
PNAS (kg ²)	4,40	0,57	-0,36	0,56	10,40	15,22	0,29	0,04
PDES (kg ²)	120,80	59,00	-19,25	63,38	340,81	545,49	0,22	0,11
GP (kg ²)	62,00	472,53	534,53	0,12	..
CE (cm ²)	2,08	6,94	9,02	0,23	..
MUSC (ponto ²)	0,11	0,57	0,68	0,16	..

* σ_a^2 = variância genética aditiva; σ_m^2 = variância genética materna; σ_{am} = covariância genética entre o efeito animal e materno; σ_{ep}^2 = variância permanente de ambiente; σ_e^2 = variância residual; σ_p^2 = variância fenotípica; h^2 = coeficiente de herdabilidade; h_m^2 = coeficiente de herdabilidade materno .

O efeito materno para peso ao nascimento foi baixo quando comparado ao reportado em literatura, com valores de herdabilidade materna entre 0,12 a 0,18 (BRANDT et al., 2010; ELER et al., 1995; MARTÍNEZ-GONZÁLEZ et al., 2010; MEYER, 1992). Segundo Koch (1972), o efeito materno (genético e permanente de ambiente) deve responder por 15 a 20% da variação fenotípica para peso ao nascimento. Esta baixa herdabilidade materna pode ser devida à inclusão na formação do Montana Tropical[®] de raças com baixo efeito materno nesta característica, como o Simental (RODRIGUEZ-ALMEIDA; VAN VLECK; GREGORY, 1997; WILLIAMS et al., 2010).

A herdabilidade materna para peso ao desmame foi próxima às obtidas por Boligon et al. (2010) na raça Nelore, por Brandt et al. (2010) em rebanhos puros das raças Simental e Angus e por Martínez-González et al. (2010) também na raça

Nelore, com valores entre 0,08 e 0,17; confirmando a importância do efeito materno nesta característica. Entretanto, há um antagonismo entre os efeitos direto e materno para peso ao desmame, representado pela covariância negativa entre os mesmos. De acordo com Meyer (1997), a correlação genética negativa entre efeitos diretos e maternos é devida a fontes de variação geralmente não contabilizadas pelo modelo de análise, como grupos de manejo e heterogeneidade de variância. Adicionalmente, estudos de Dodenhoff, Van Vleck e Gregory (1999), Phocas e Laloë (2004) e Wasike et al. (2006) sugeriram ser esta estimativa uma consequência da estruturação dos dados.

De forma geral, pode-se inferir que é possível obter ganho genético nesta população para estas características através da seleção de reprodutores.

6.2.2 Tendência genética e ganho genético anual

O ganho genético anual foi positivo e significativo ($P < 0,01$) para todas as características estudadas (Tabela 11). Estas estimativas foram baixas, sugerindo um progresso genético lento nesta população. Entretanto, à exceção do ganho genético anual reportado por Cyrillo et al. (2001) de 0,31 cm para circunferência escrotal em uma população de machos Nelore; diversos trabalhos apresentaram ganhos próximos ou menores aos deste estudo, com valores de 0,046 kg para peso ao nascimento em uma população de bovinos Canchim (MELLO et al., 2002) e 0,0175 kg para um rebanho Angus (WEBER et al., 2009); 0,1341 kg para peso ao desmame na raça Tabapuã (FERRAZ FILHO et al., 2002) e 0,22009 kg para uma população Angus (WEBER et al., 2009); 0,018 ponto para musculosidade ao desmame em um rebanho Nelore (FORNI; FEDERICI; ALBUQUERQUE, 2007) e 0,0044 ponto para animais Angus (WEBER et al., 2009).

Baixos valores para tendência genética podem ser explicados pelo baixo controle genético sobre determinada característica ou pela pequena seleção direcional (BOLIGON et al., 2006). No caso desta população Montana Tropical[®], apesar de existir uma avaliação genética com critérios bem definidos, há uma comercialização constante de reprodutores, visto que se trata de um rebanho comercial. Não sendo mantidos os melhores animais na população, reduz-se a magnitude do ganho genético. Tal situação é ilustrada através das tendências

genéticas, cujos pontos não apresentam um comportamento crescente ao longo dos anos (Figuras 3 a 7).

Maiores ganhos genéticos foram preditos para peso ao desmame e ganho de peso pós-desmame comparativamente às demais características, provavelmente devido à maior importância destas no índice de seleção empregado na população. Valores baixos de ganho genético para peso ao nascimento são adequados, visto que um aumento excessivo neste atributo pode gerar problemas relacionados ao parto.

Tabela 11 - Ganho genético anual e erro-padrão para as características de peso ao nascimento (PNAS), peso ao desmame (PDES), ganho de peso pós-desmame (GP), circunferência escrotal (CE) e escore de musculabilidade (MUSC)*

Característica	Ganho genético anual	Erro-padrão	P > t
PNAS (kg/ano)	0,057	0,0008	< 0,0001
PDES (kg/ano)	0,463	0,0037	< 0,0001
GP (kg/ano)	0,153	0,0050	< 0,0001
CE (cm/ano)	0,043	0,0017	< 0,0001
MUSC (ponto/ano)	0,018	0,0002	< 0,0001

As tendências genéticas (Figuras de 3 a 7) ilustram aumento no valor genético médio nas características a partir da safra de 1997. Dado que as mensurações se iniciaram em 1994, neste período provavelmente entraram em reprodução os primeiros animais selecionados através do emprego destes dados na avaliação genética, contribuindo para uma melhoria genética do rebanho. Dentre as características estudadas, o ganho de peso pós-desmame apresenta variações mais perceptíveis no valor genético médio entre as safras. Contudo, deve-se ressaltar que trata-se de um atributo com uma influência ambiental alta e baixa herdabilidade, o que reduz a acurácia das estimativas dos valores genéticos e, conseqüentemente, a eficiência da seleção.

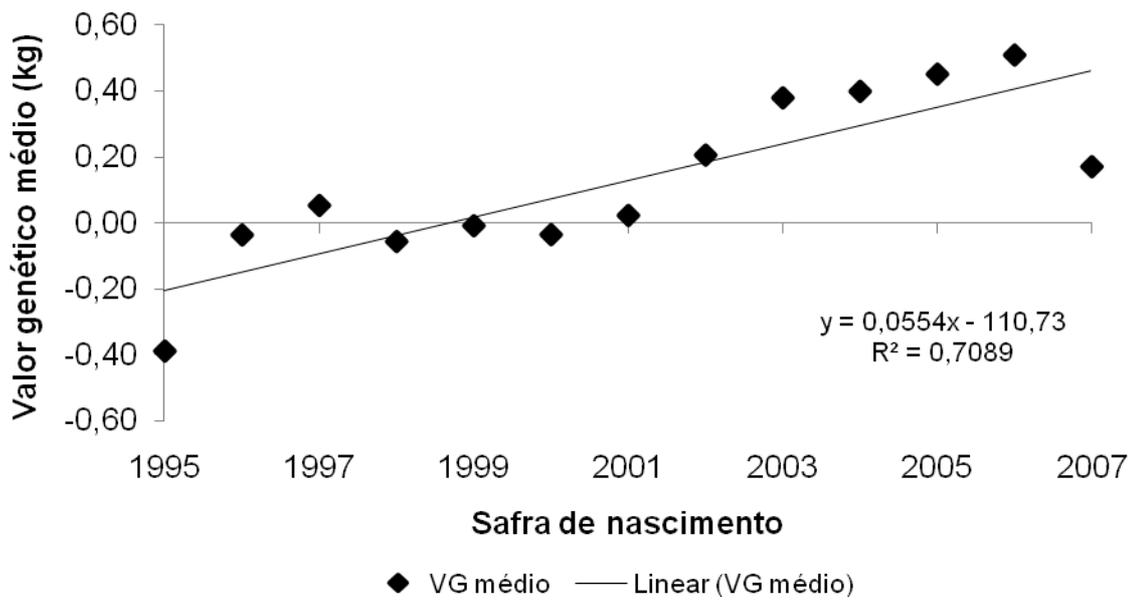


Figura 3 - Tendência genética para peso ao nascimento

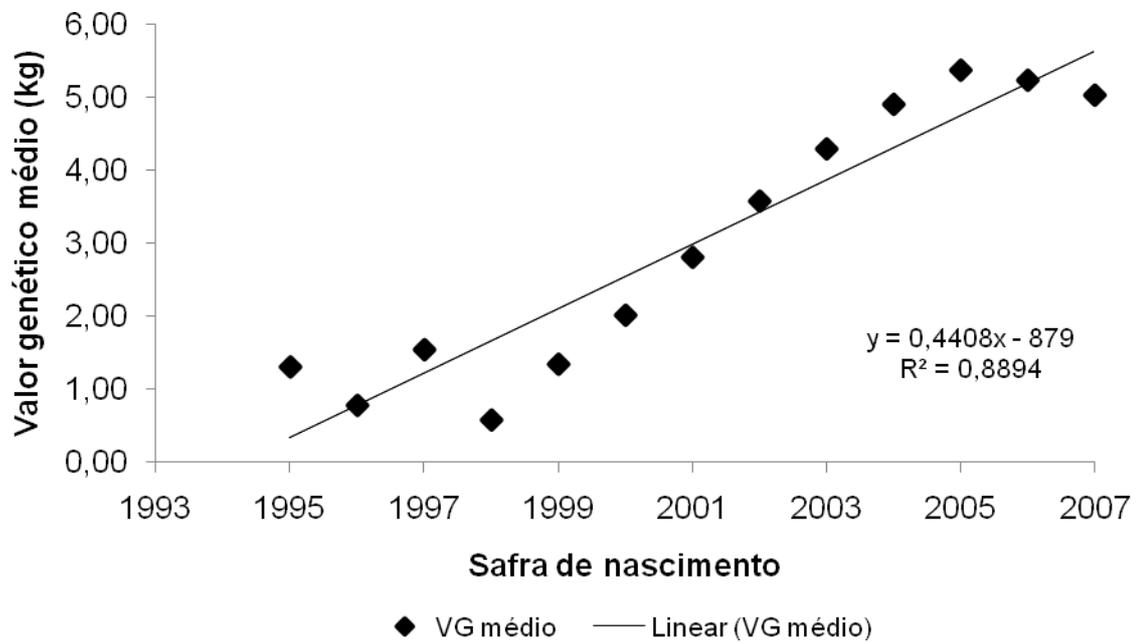


Figura 4 - Tendência genética para peso ao desmame

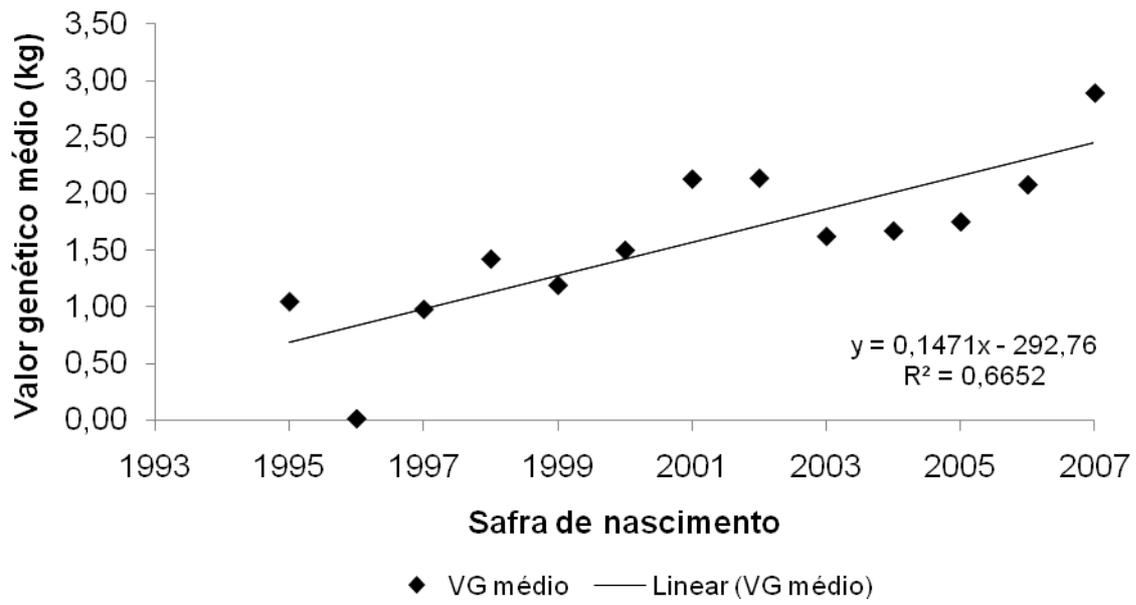


Figura 5 - Tendência genética para ganho de peso pós-desmame

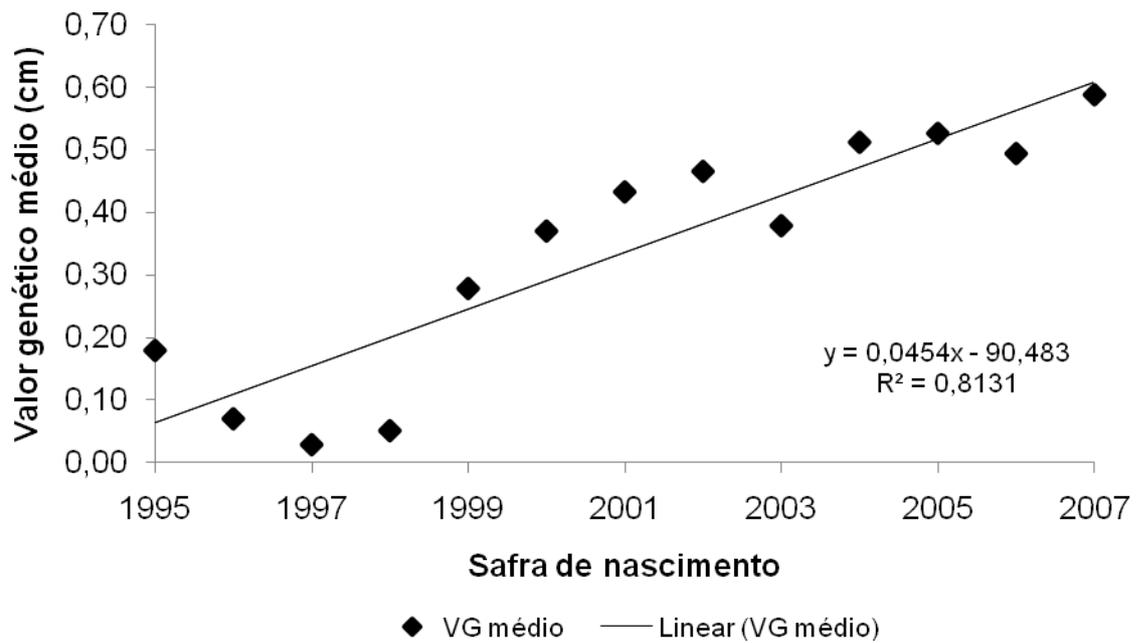


Figura 6 - Tendência genética para circunferência escrotal

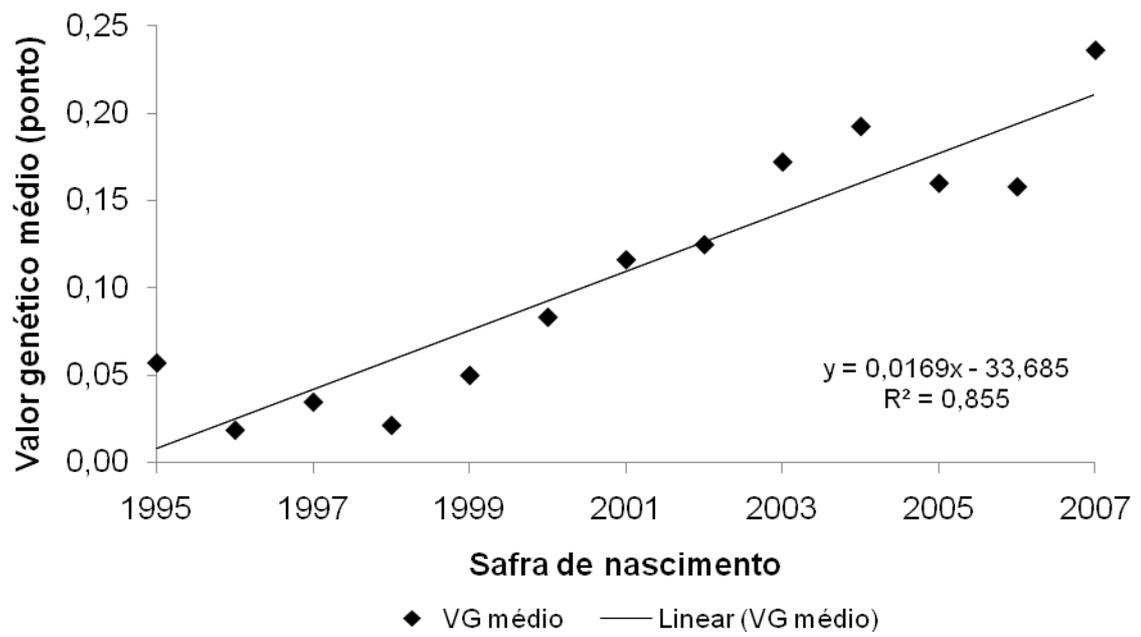


Figura 7 - Tendência genética para o escore de musculabilidade

6.3 Grupos genéticos na seleção de reprodutores

6.3.1 Peso ao nascimento

As estratégias de agrupamento se diferem, primeiramente, pelo número de grupos genéticos formados. A adoção de muitos critérios para o agrupamento acarreta na formação de um elevado número de grupos os quais, por sua vez, estão associados a um baixo número de pais “fantasmas”; sendo o contrário também verdadeiro. A estratégia envolvendo safra e fazenda de nascimento do animal conjuntamente ao sexo do parental desconhecido (SAFFAZSEX) caracterizou-se pela formação de cerca de 600 a 800 grupos, de acordo com a proporção de animais sem informação de parentesco considerada, sendo vários destes compostos por menos de dez pais “fantasmas”. Ao contrário, a adoção da estratégia baseada apenas no sexo do parental desconhecido (SEX) ocasionou na formação de apenas três grupos genéticos, nos quais foram alocados até aproximadamente 40.000 pais “fantasmas”. Nisto, pode-se observar três padrões distintos: de estratégias associadas à formação de poucos grupos (SAF, SEX, SEL, RACA), geralmente menos que 20; de estratégias associadas à formação de um número intermediário de grupos, entre aproximadamente 30 a 100 grupos (FAZ, FAZSEX, SAFSEX); e de estratégias associadas à formação de muitos grupos genéticos, com um número superior a 200 grupos (SAFFAZ, SAFFAZSEX) (Tabela 12).

Tabela 12 - Número de grupos genéticos (N), mínimo (MIN) e máximo (MAX) de pais “fantasmas” por grupo em cada estratégia de agrupamento genético* considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) de animais sem algum registro de parentesco**

Estratégia de agrupamento	GG10			GG30			GG50		
	N	MIN	MAX	N	MIN	MAX	N	MIN	MAX
SAF	13	693	3.235	13	2.230	10.044	13	3.388	15.967
SEX	3	172	12.739	3	516	38.217	3	861	43.038
FAZ	44	7	3.556	44	28	11.149	44	23	17.614
SEL	6	84	6.519	6	257	19.315	6	349	32.237
FAZSEX	122	1	2.098	129	1	6.268	47	4	13.296
SAFFAZ	272	1	715	272	5	2.243	272	7	4.404
SAFSEX	39	3	1.866	39	14	5.782	39	20	9.401
SAFFAZSEX	636	1	423	730	1	1.201	764	1	1.999
RACA	15	10	4.955	16	1	16.139	16	1	26.243

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

**Estas informações não incluem o grupo genético atribuído aos animais-base. Estes dados foram obtidos da centésima análise de cada estratégia de agrupamento.

O emprego de grupos genéticos apresentou médias de eficiência de seleção superiores a 75% para até 30% de indivíduos com genealogia desconhecida e maiores que 65% considerando uma perda de dados para até 50% dos animais (Tabela 13). Segundo Crews e Franke (1998), valores de correlações de ordem inferiores a 70% refletem alterações importantes na classificação dos animais, as quais comprometem a seleção e o progresso genético. Dessa forma, assumindo-se a eficiência de seleção como uma medida de correlação de posto entre os melhores animais classificados de acordo com os valores genéticos obtidos com o uso de uma matriz de relacionamentos completa e com o uso de grupos genéticos; infere-se que os grupos genéticos foram eficazes quanto à substituição das informações de parentesco na avaliação genética na ausência de até 30% destes dados, independente da estratégia estudada. Para o cenário extremo de perda de informação, 50%, além de médias de eficiências menores, ressalta-se uma dependência destes resultados à amostra de animais associados aos grupos

genéticos e à estratégia de agrupamento utilizada, sendo a resposta à seleção, portanto, mais instável e imprevisível.

As perdas de seleção foram maiores na maior intensidade de seleção, isto é, na menor proporção de animais selecionados (10%), principalmente na ausência de uma maior quantidade de informações (50%). Este comportamento foi também observado em Peskovicová, Groeneveld e Wolf (2004), no qual foram comparados os valores genéticos obtidos com e sem grupos genéticos em uma população formada por suínos nativos e importados. Neste trabalho, a perda de seleção variou entre 0,6 e 65,9% para uma proporção de seleção de 10% dos animais; entre 2,3 a 55,6% para uma proporção de 20% e entre 3,5 e 35% para uma proporção de 50%. Sabendo-se que a intensidade de seleção é diretamente proporcional ao ganho genético, pode-se inferir que a diferença entre o ganho esperado e o realizado será mais expressiva em intensidades de seleção maiores.

Os resultados foram similares para as estratégias, sugerindo que os critérios escolhidos na formação de grupos genéticos são hábeis em representar possíveis diferenças genéticas existentes na população. Divergências somente foram visíveis na maior intensidade de seleção (10%) e no cenário extremo de genealogia desconhecida (50%). Especificamente a partir destas estimativas, observa-se uma superioridade das estratégias relacionadas à safra de nascimento (SAF) e composição racial (RACA) comparativamente às demais. Nestas, nenhuma análise genética acarretou em eficiências de seleção menores a 70%. Além disso, os desvios-padrão foram baixos, indicando a consistência destes resultados, isto é, que os mesmos não estão condicionados a amostra de animais associada a grupos genéticos. Este comportamento é condizente ao reportado por Famula e Van Vleck (1982) e Famula, Pollak e Van Vleck (1983), os quais afirmaram serem as melhores estratégias de agrupamento aquelas vinculadas às decisões de seleção do rebanho, de maneira a se obter soluções não viesadas. A seleção é comumente realizada dentro de indivíduos da mesma safra, dado que, em uma população sob seleção, os melhores animais são geralmente os nascidos no último ano. Adicionalmente, sendo os animais em estudo oriundos de uma população composta, a seleção dentro de composição racial também torna-se trivial, sabendo-se que determinadas proporções dos tipos biológicos devem ser mantidas na população para a exploração dos benefícios provenientes do uso de cruzamentos.

As estratégias nas quais o critério de sexo do parental desconhecido foi adotado assumiram uma posição intermediária quanto aos valores obtidos para eficiência de seleção, porém estes também foram elevados. De acordo com Westell, Quaas e Van Vleck (1988), estas estruturas de grupos genéticos são adequadas por considerarem os intervalos de gerações e diferenciais de seleção distintos entre machos e fêmeas. Similarmente, Casellas, Piedrafita e Varona (2007), avaliando estruturas de grupos genéticos para um rebanho de bovinos da raça Bruna dos Pirineus através do fator de Bayes, constataram ser a melhor estratégia agrupar os pais “fantasmas” de acordo com o ano de nascimento e alocar as mães “fantasmas” em um único grupo, devido à baixa mudança genética nas mesmas ao longo das gerações. Contudo, o uso de tais estruturas no presente trabalho acarretou em desvios-padrão altos, sugerindo uma expressiva variação na resposta de acordo com a amostra de animais sem informação de parentesco considerada. Esta instabilidade nos resultados associados a estas estratégias pode estar vinculada à alta variabilidade genética entre os touros, não adequadamente representadas por estratégias que acarretem na formação de poucos grupos, como sexo do parental desconhecido (SEX) e caminho de seleção (SEL).

Por sua vez, o emprego da estrutura envolvendo safra de nascimento do animal e o sexo do parental desconhecido (SAFSEX) deveria ser estável, visto o desempenho da estratégia de safra de nascimento (SAF). Entretanto, com a divisão das mães “fantasmas” por safra de nascimento há a formação de grupos genéticos associados a poucos animais, reduzindo-se a ligação genética entre os grupos e, conseqüentemente, prejudicando a eficácia desta abordagem. Segundo Phocas e Laloë (2004), os grupos genéticos devem ser apenas considerados quando houver um grande número de animais por grupo e alta ligação genética entre os mesmos. Assim sendo, estratégias associadas à formação de muitos grupos com poucos pais “fantasmas” geralmente são prejudicadas por não atenderem a estes requisitos.

O uso das estratégias de safra e fazenda de nascimento do animal (SAFFAZ) e safra e fazenda do animal conjuntamente ao sexo do parental desconhecido (SAFFAZSEX) acarretaram nas menores eficiências de seleção. Igualmente ao discutido anteriormente, estes resultados estão vinculados principalmente à formação de muitos grupos com um número pequeno de animais (até 10 indivíduos), dificultando a estimativa do efeito dos grupos genéticos. Deve-se ressaltar ainda que

estes grupos se assemelham aos grupos de contemporâneos, podendo ocasionar um confundimento entre estes fatores (QUAAS, 1988).

Os resultados considerando-se apenas animais da última safra foram similares aos apresentados anteriormente, com as estratégias SAF e RACA associadas às maiores médias de eficiência de seleção e aos menores desvios-padrão e SAFFAZ e SAFFAZSEX apresentando as maiores perdas comparativamente às demais (Tabela 14). No entanto, novamente ressalta-se que, apesar das diferenças entre o desempenho das estratégias, o uso de grupos genéticos não interferiu na seleção dos melhores animais, visto que a maioria dos animais selecionados através da avaliação incluindo matriz de parentesco completa seria selecionada com o uso desta abordagem.

Tabela 13 - Média (M), desvio-padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais para peso ao nascimento, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos com genealogia desconhecida

Estratégia*	GG10				GG30				GG50			
	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX
<i>10% melhores animais</i>												
SAF	94,2	0,51	92,8	95,8	83,1	0,86	79,6	85,2	76,4	0,78	73,8	77,9
SEX	93,9	1,56	86,2	95,7	84,6	1,67	78,3	87,0	70,6	5,80	53,1	78,0
FAZ	92,2	0,97	89,1	94,2	79,9	1,36	75,5	82,3	71,3	2,30	61,0	75,4
SEL	93,2	2,56	82,3	96,1	83,7	2,62	67,8	87,0	70,7	4,93	55,4	77,4
FAZSEX	92,1	1,20	88,7	94,7	79,7	2,73	70,3	84,9	70,1	3,02	58,7	76,1
SAFFAZ	89,5	0,86	87,5	91,9	76,0	1,47	71,4	79,3	66,6	2,51	61,5	72,5
SAFSEX	93,3	1,56	87,4	95,9	78,9	4,84	67,4	86,2	68,3	7,41	50,7	79,0
SAFFAZSEX	91,6	0,80	89,2	94,0	78,6	1,19	76,0	80,9	67,7	2,33	61,4	73,4
RACA	94,5	0,53	92,7	95,3	82,3	1,16	77,7	85,0	76,5	1,13	70,8	78,4
<i>20% melhores animais</i>												
SAF	94,3	0,55	92,9	95,5	83,7	0,76	79,1	85,5	76,7	0,66	74,7	78,2
SEX	93,6	0,93	89,9	95,1	83,9	0,95	80,7	86,0	73,3	3,15	64,1	77,8
FAZ	92,7	0,86	90,5	94,3	81,3	0,98	76,9	83,1	73,3	1,37	67,0	75,3
SEL	93,3	1,35	88,3	95,3	83,6	1,41	76,2	85,1	73,4	2,32	67,3	77,1
FAZSEX	92,5	0,93	90,0	94,4	81,0	1,49	75,9	83,9	72,8	1,50	67,9	75,6
SAFFAZ	91,7	0,77	89,0	93,2	79,5	0,98	77,2	81,7	70,4	1,48	67,1	73,9
SAFSEX	93,8	0,86	91,1	95,4	81,6	2,22	76,2	85,3	72,4	3,25	64,8	77,5
SAFFAZSEX	92,4	0,67	90,5	94,0	80,5	0,87	78,9	82,9	70,6	1,23	67,2	73,8
RACA	94,7	0,54	93,3	95,9	83,5	0,98	80,5	85,3	77,3	0,91	72,5	78,7
<i>50% melhores animais</i>												
SAF	93,6	0,51	92,4	94,7	82,0	0,73	78,1	83,8	72,9	0,77	71,1	75,0
SEX	92,1	0,76	90,2	93,9	79,1	1,18	76,7	81,8	70,9	0,98	68,0	72,7
FAZ	92,6	0,85	90,6	94,0	80,4	0,77	77,2	82,1	70,9	1,04	66,8	73,2
SEL	92,3	0,75	90,4	93,8	79,6	0,97	77,1	81,9	70,9	0,81	68,3	72,4
FAZSEX	92,2	0,83	89,4	93,9	79,0	0,94	76,5	81,5	70,3	1,26	67,2	73,0
SAFFAZ	93,0	0,57	91,1	93,9	80,9	0,77	78,8	82,9	71,0	0,90	68,4	73,2
SAFSEX	93,2	0,59	91,1	94,3	80,4	0,86	78,7	83,1	70,6	1,01	67,9	72,4
SAFFAZSEX	93,0	0,55	91,3	94,1	80,7	0,66	78,8	82,1	70,7	0,78	68,6	72,6
RACA	94,5	0,46	92,9	95,2	82,5	1,03	79,1	84,4	74,4	0,86	70,7	76,4

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; SEL: caminho de seleção; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 14 - Média (M), desvio-padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais da última safra para peso ao nascimento, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos com genealogia desconhecida

Estratégia*	GG10				GG30				GG50			
	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX
<i>10% melhores animais</i>												
SAF	93,3	2,55	83,7	96,8	81,3	2,59	72,4	86,1	74,2	2,22	68,7	78,7
SEX	94,4	1,82	85,9	96,2	83,9	1,98	78,8	87,5	72,1	3,95	59,1	79,0
FAZ	92,4	1,60	85,4	95,8	79,3	2,34	72,1	84,3	71,6	4,28	57,7	78,9
SEL	93,4	3,00	80,4	96,5	82,3	2,96	68,9	86,6	72,0	3,26	61,7	78,5
FAZSEX	91,8	2,15	86,0	95,4	77,6	5,18	55,7	86,0	73,0	4,13	51,3	79,3
SAFFAZ	87,7	4,17	72,8	95,1	72,5	7,76	31,3	84,2	68,1	4,63	47,5	75,9
SAFSEX	93,7	1,00	90,5	96,3	80,5	2,20	73,1	84,4	71,0	2,58	64,4	77,6
SAFFAZSEX	90,6	2,87	80,9	94,3	76,5	3,92	57,6	83,1	66,0	5,26	47,2	75,9
RACA	93,9	0,99	91,4	95,9	81,4	1,52	77,7	84,5	75,0	1,68	68,5	78,6
<i>20% melhores animais</i>												
SAF	93,5	1,89	85,2	96,1	81,3	1,94	72,2	84,4	74,9	1,48	71,4	78,7
SEX	93,8	1,11	89,7	95,5	82,7	1,19	79,6	85,2	73,8	2,31	67,5	78,2
FAZ	92,8	1,26	87,7	95,9	80,3	2,04	71,9	83,9	72,4	3,32	59,3	77,7
SEL	93,4	1,49	88,0	95,5	81,9	1,80	74,7	85,4	73,7	1,90	69,0	77,5
FAZSEX	92,5	1,35	88,6	95,1	79,0	3,21	61,8	84,7	73,3	2,95	59,9	78,1
SAFFAZ	90,7	2,23	83,5	95,1	76,4	4,58	56,7	82,9	70,6	4,01	52,6	75,8
SAFSEX	93,7	0,85	91,6	95,3	80,8	1,70	75,3	84,7	72,1	2,16	67,9	76,2
SAFFAZSEX	91,8	1,56	86,7	95,1	78,2	2,80	69,4	82,9	68,4	4,54	52,3	75,9
RACA	94,3	0,72	92,5	95,7	82,4	1,44	79,3	85,3	76,3	1,32	71,5	79,2
<i>50% melhores animais</i>												
SAF	93,7	0,90	90,6	95,3	81,5	1,84	73,2	85,5	75,0	1,76	71,1	78,9
SEX	92,7	1,23	89,0	94,9	80,1	1,78	76,3	84,2	74,6	1,74	70,2	78,4
FAZ	93,5	1,15	89,9	95,5	81,4	1,99	75,9	85,7	74,0	2,71	66,7	78,7
SEL	92,8	1,13	89,7	95,0	80,5	1,82	75,5	83,9	74,2	1,74	67,7	77,5
FAZSEX	92,9	1,10	90,0	95,3	80,0	2,15	74,2	85,0	74,2	2,78	66,9	79,5
SAFFAZ	92,9	1,07	88,2	95,1	79,8	2,26	72,9	84,8	73,1	2,57	67,2	78,1
SAFSEX	93,7	0,74	91,5	94,9	81,1	1,64	75,1	84,2	72,9	1,96	68,9	78,0
SAFFAZSEX	93,4	0,79	90,8	94,8	80,8	1,93	75,1	84,7	71,9	2,77	64,4	78,2
RACA	94,9	0,54	93,8	96,1	83,8	1,55	78,6	86,8	77,7	1,58	72,9	80,9

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; SEL: caminho de seleção; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Enquanto as eficiências de seleção são indicativas de uma correlação de ordem entre os melhores animais classificados com o uso de uma matriz de parentesco completa e de grupos genéticos na avaliação genética, as correlações de Pearson e Spearman representam as semelhanças nos valores genéticos e no ranking de todos os animais mensurados para peso ao nascimento, respectivamente. Estes resultados confirmam o comportamento observado a partir da eficiência de seleção, sugerindo que, para peso ao nascimento, as estratégias vinculadas à safra de nascimento (SAF) e à composição racial (RACA) conduzem a estimativas similares às obtidas com a disponibilidade de uma genealogia completa, dadas as correlações médias acima de 0,77 para até 30% dos animais com parentesco desconhecido e 0,68 para até 50% de perda de genealogia (Tabelas 15 e 16). Estas inferências estendem-se aos resultados estimados considerando-se somente os animais da última safra (Tabelas 17 e 18).

Tabela 15 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para peso ao nascimento, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) dos animais com genealogia desconhecida

Estratégia*	Cenário	Correlação de Pearson			
		M	DP	MIN	MAX
SAF	GG10	0,93	0,005	0,92	0,94
	GG30	0,80	0,007	0,77	0,82
	GG50	0,71	0,006	0,69	0,72
SEX	GG10	0,90	0,032	0,77	0,94
	GG30	0,75	0,035	0,65	0,81
	GG50	0,67	0,022	0,61	0,70
FAZ	GG10	0,91	0,009	0,89	0,93
	GG30	0,77	0,014	0,71	0,79
	GG50	0,62	0,043	0,53	0,69
SEL	GG10	0,89	0,036	0,78	0,94
	GG30	0,75	0,034	0,65	0,80
	GG50	0,66	0,024	0,54	0,69
FAZSEX	GG10	0,86	0,051	0,71	0,93
	GG30	0,66	0,044	0,57	0,77
	GG50	0,58	0,042	0,45	0,69
SAFFAZ	GG10	0,84	0,015	0,80	0,88
	GG30	0,70	0,018	0,64	0,74
	GG50	0,55	0,039	0,45	0,63
SAFSEX	GG10	0,87	0,047	0,72	0,94
	GG30	0,70	0,046	0,57	0,80
	GG50	0,59	0,044	0,49	0,69
SAFFAZSEX	GG10	0,87	0,024	0,79	0,91
	GG30	0,67	0,042	0,55	0,75
	GG50	0,53	0,043	0,43	0,62
RACA	GG10	0,94	0,005	0,93	0,95
	GG30	0,81	0,010	0,78	0,82
	GG50	0,72	0,009	0,68	0,73

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; SEL: caminho de seleção; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 16 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Spearman entre a classificação dos animais de acordo com valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para peso ao nascimento, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) com genealogia desconhecida

Estratégia*	Cenário	Correlação de Spearman			
		M	DP	MIN	MAX
SAF	GG10	0,93	0,006	0,91	0,94
	GG30	0,79	0,007	0,75	0,81
	GG50	0,69	0,007	0,67	0,71
SEX	GG10	0,91	0,012	0,87	0,93
	GG30	0,76	0,019	0,72	0,80
	GG50	0,67	0,011	0,64	0,69
FAZ	GG10	0,91	0,009	0,89	0,93
	GG30	0,77	0,009	0,73	0,79
	GG50	0,66	0,012	0,63	0,68
SEL	GG10	0,91	0,011	0,88	0,93
	GG30	0,76	0,015	0,72	0,80
	GG50	0,67	0,011	0,62	0,69
FAZSEX	GG10	0,91	0,010	0,88	0,92
	GG30	0,74	0,013	0,71	0,78
	GG50	0,65	0,017	0,60	0,69
SAFFAZ	GG10	0,90	0,007	0,88	0,92
	GG30	0,76	0,008	0,74	0,78
	GG50	0,64	0,012	0,61	0,66
SAFSEX	GG10	0,92	0,007	0,90	0,93
	GG30	0,76	0,013	0,72	0,80
	GG50	0,65	0,017	0,60	0,68
SAFFAZSEX	GG10	0,91	0,006	0,89	0,92
	GG30	0,76	0,008	0,74	0,79
	GG50	0,64	0,010	0,61	0,66
RACA	GG10	0,94	0,005	0,92	0,95
	GG30	0,80	0,011	0,77	0,82
	GG50	0,71	0,010	0,67	0,73

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; SEL: caminho de seleção; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 17 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos para indivíduos da última safra na análise genética sem e com grupos genéticos para peso ao nascimento, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) dos animais com genealogia desconhecida

Estratégia*	Cenário	Correlação de Pearson			
		M	DP	MIN	MAX
SAF	GG10	0,92	0,014	0,86	0,94
	GG30	0,78	0,016	0,69	0,82
	GG50	0,70	0,013	0,67	0,73
SEX	GG10	0,90	0,030	0,77	0,94
	GG30	0,75	0,032	0,67	0,80
	GG50	0,70	0,019	0,65	0,74
FAZ	GG10	0,91	0,013	0,87	0,93
	GG30	0,77	0,018	0,72	0,82
	GG50	0,67	0,037	0,54	0,73
SEL	GG10	0,89	0,033	0,80	0,94
	GG30	0,75	0,029	0,66	0,80
	GG50	0,69	0,024	0,54	0,73
FAZSEX	GG10	0,86	0,058	0,64	0,93
	GG30	0,67	0,062	0,53	0,79
	GG50	0,67	0,044	0,52	0,73
SAFFAZ	GG10	0,82	0,043	0,72	0,90
	GG30	0,66	0,065	0,44	0,74
	GG50	0,63	0,042	0,49	0,70
SAFSEX	GG10	0,92	0,013	0,86	0,94
	GG30	0,77	0,018	0,71	0,82
	GG50	0,68	0,023	0,63	0,73
SAFFAZSEX	GG10	0,87	0,031	0,78	0,93
	GG30	0,71	0,041	0,59	0,79
	GG50	0,61	0,047	0,45	0,70
RACA	GG10	0,93	0,007	0,91	0,95
	GG30	0,80	0,013	0,78	0,83
	GG50	0,72	0,013	0,67	0,76

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; SEL: caminho de seleção; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 18 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Spearman entre a classificação dos animais da última safra de acordo com valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para peso ao nascimento, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% dos animais com genealogia desconhecida

Estratégia*	Cenário	Correlação de Spearman			
		M	DP	MIN	MAX
SAF	GG10	0,91	0,014	0,86	0,94
	GG30	0,77	0,017	0,68	0,81
	GG50	0,70	0,015	0,66	0,72
SEX	GG10	0,90	0,015	0,86	0,93
	GG30	0,75	0,020	0,70	0,79
	GG50	0,69	0,017	0,64	0,73
FAZ	GG10	0,91	0,012	0,87	0,93
	GG30	0,76	0,019	0,71	0,81
	GG50	0,67	0,032	0,58	0,72
SEL	GG10	0,90	0,015	0,87	0,94
	GG30	0,75	0,018	0,70	0,79
	GG50	0,69	0,018	0,60	0,72
FAZSEX	GG10	0,90	0,013	0,87	0,93
	GG30	0,73	0,026	0,64	0,80
	GG50	0,67	0,033	0,57	0,73
SAFFAZ	GG10	0,89	0,016	0,85	0,92
	GG30	0,72	0,028	0,60	0,77
	GG50	0,65	0,031	0,55	0,70
SAFSEX	GG10	0,91	0,010	0,89	0,93
	GG30	0,76	0,016	0,71	0,80
	GG50	0,67	0,023	0,63	0,71
SAFFAZSEX	GG10	0,90	0,011	0,87	0,92
	GG30	0,74	0,023	0,69	0,78
	GG50	0,63	0,034	0,54	0,69
RACA	GG10	0,93	0,007	0,91	0,95
	GG30	0,79	0,015	0,75	0,83
	GG50	0,72	0,014	0,66	0,75

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; SEL: caminho de seleção; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Ao se observar a relação entre os valores genéticos preditos sem e com o emprego de grupos genéticos, ilustrada na figura 8, confirma-se o comportamento descrito através das estimativas de eficiência de seleção e correlação. Nas estratégias SAF e RACA, cujos valores de eficiência e correlação foram maiores, os pontos estão distribuídos de maneira a constituir uma reta, sugerindo uma linearidade entre os valores genéticos obtidos em ambas as abordagens. Por outro lado, a dispersão dos pontos nas estratégias SAFFAZ e SAFFAZSEX, distantes da formação de uma reta indicam uma menor relação linear entre as duas medidas.

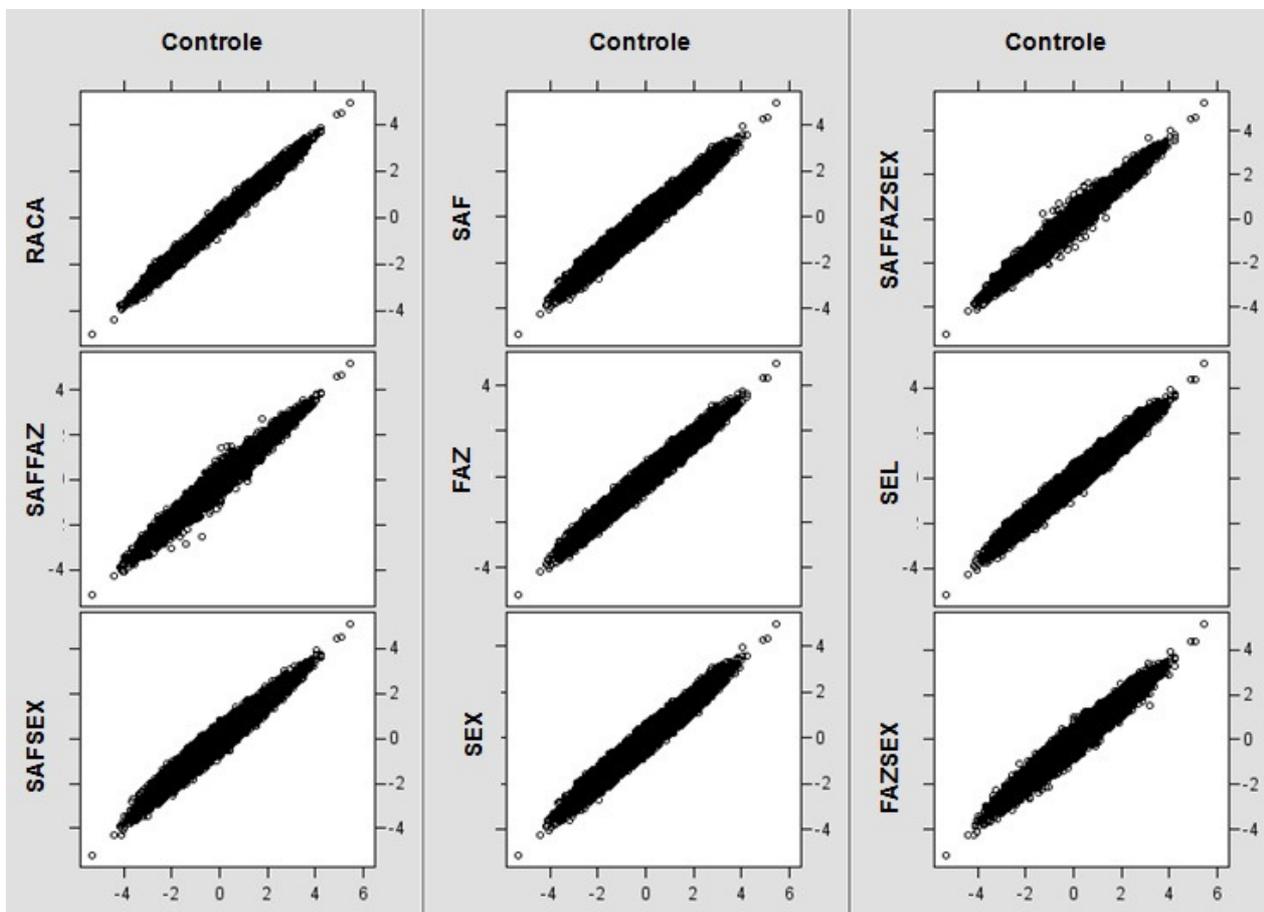


Figura 8 - Relação entre os valores genéticos obtidos para peso ao nascimento na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 10% dos indivíduos com genealogia desconhecida

Conforme aumenta-se a proporção de animais com ausência de informação de genealogia (figuras 9 e 10), a distribuição dos pontos distancia-se de uma reta, dada a menor correlação entre os valores genéticos nestes cenários, sendo as diferenças entre as estratégias de agrupamento também menos visíveis.

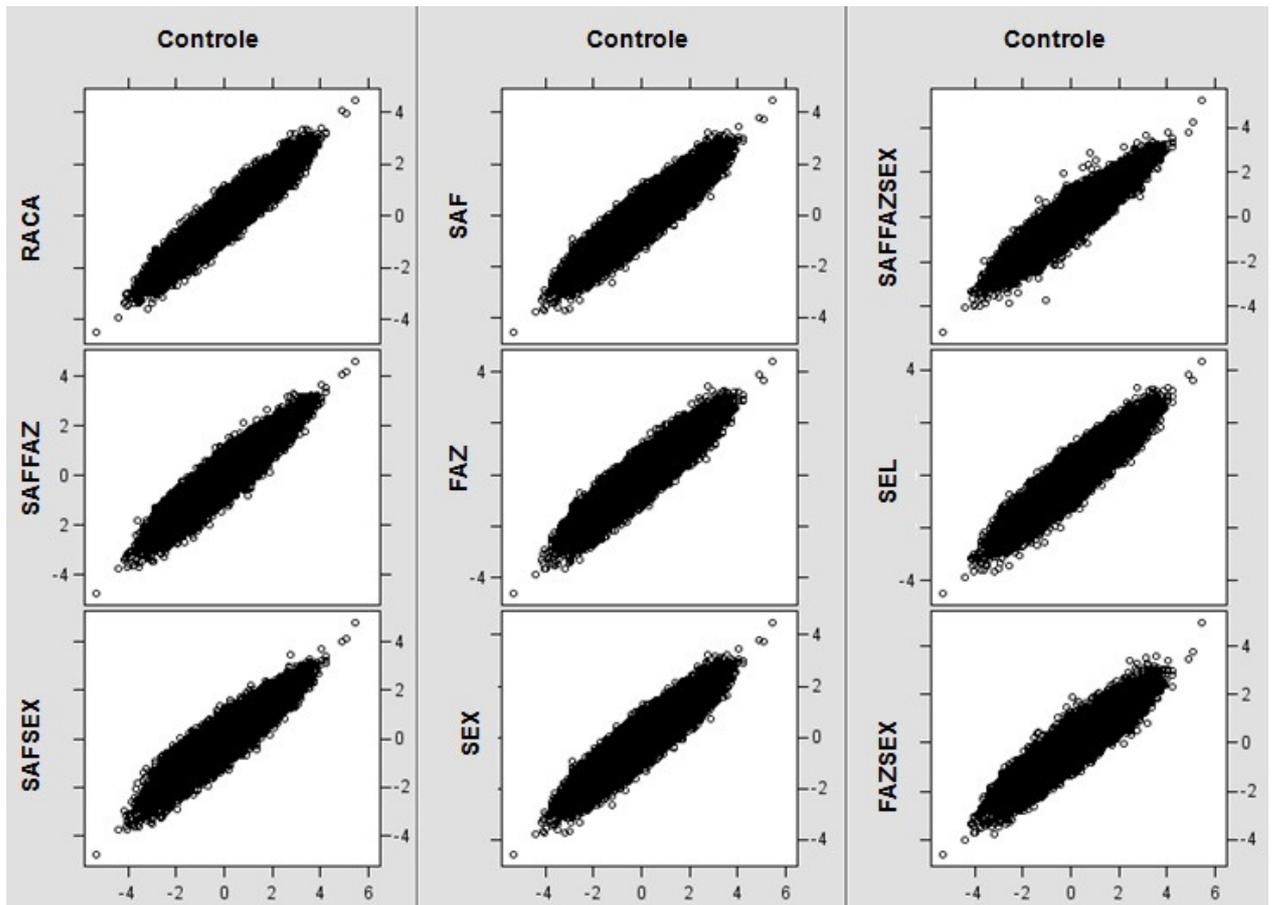


Figura 9 - Relação entre os valores genéticos obtidos para peso ao nascimento na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 30% dos indivíduos com genealogia desconhecida

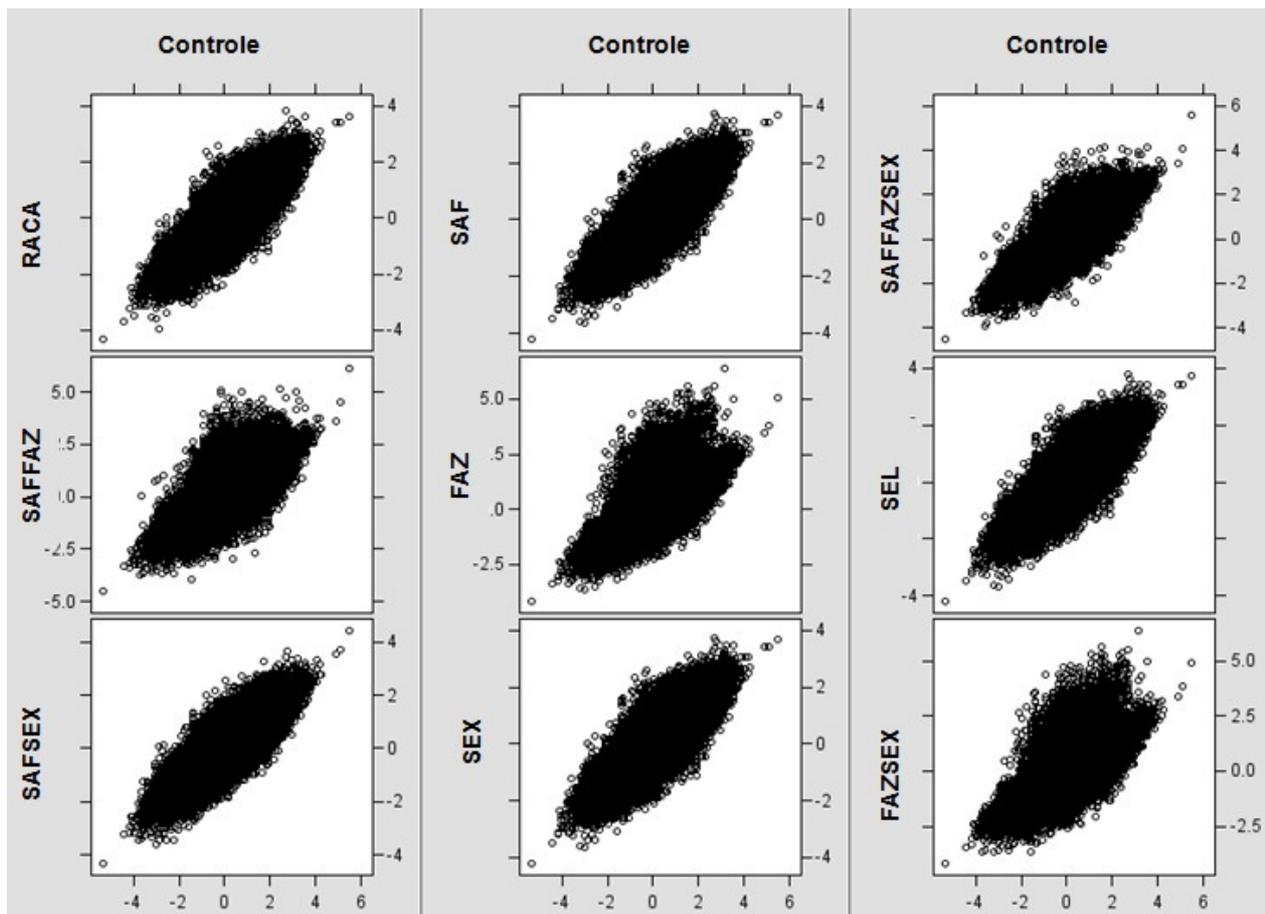


Figura 10 - Relação entre os valores genéticos obtidos para peso ao nascimento na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 50% dos indivíduos com genealogia desconhecida

Através do dendrograma (Figura 11) observa-se o distanciamento das estratégias SAF e RACA das demais estruturas, visto que as mesmas estão associadas a um melhor desempenho da análise genética com o uso de grupos genéticos. As estratégias baseadas em critérios complexos de agrupamento tenderam a formar um aglomerado, dada a formação um número excessivo de grupos por estas. Por sua vez, as estratégias SEX e SEL, com eficiências de seleção altas; contudo, associadas a desvios-padrão altos, formaram um terceiro aglomerado. A análise de agrupamento, através da construção do dendrograma, ilustrou os padrões discutidos anteriormente para peso ao nascimento.

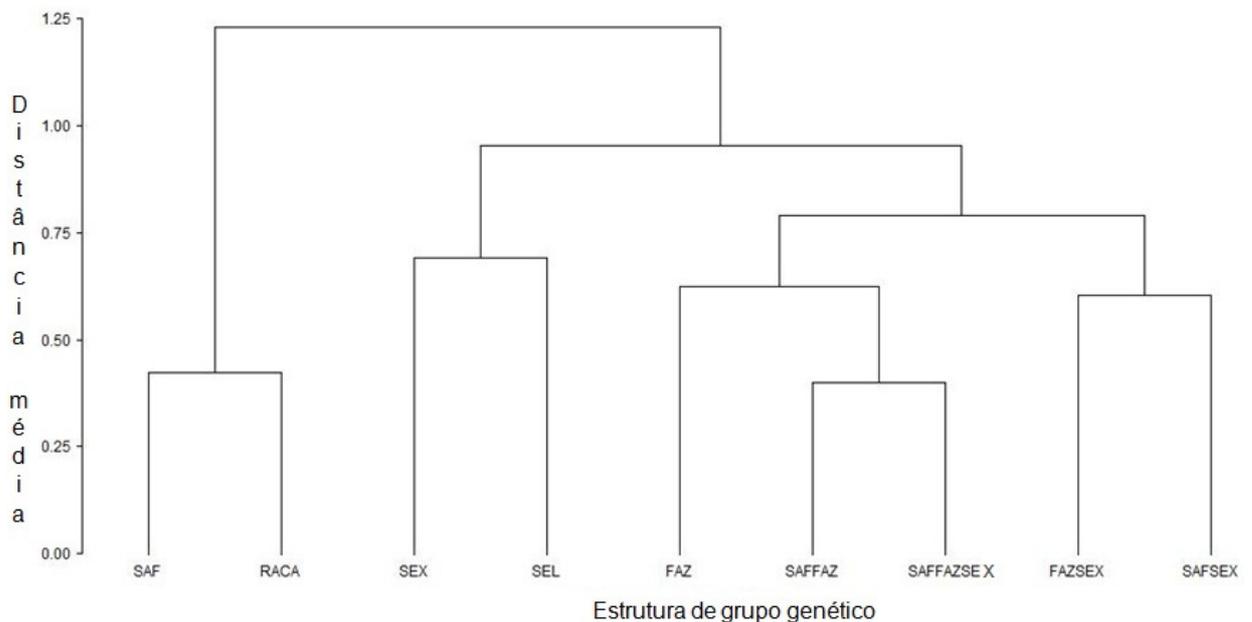


Figura 11 - Dendrograma da análise de agrupamento das estruturas de grupos genéticos na característica de peso ao nascimento

6.3.2 Peso ao desmame

Igualmente ao verificado para peso ao nascimento, nas análises para peso ao desmame a estratégia de agrupamento responsável pela formação do maior número de grupos foi SAFFAZSEX, com mais de 600 grupos (Tabela 19). Visto que o número de indivíduos avaliados para esta característica foi semelhante a peso ao nascimento, o número de grupos genéticos formados e o número de pais “fantasmas” alocados nestes foram similares nas duas características para cada estratégia de agrupamento estudada.

Tabela 19 - Número de grupos genéticos (N), mínimo (MIN) e máximo (MAX) de pais “fantasmas” por grupo em cada estratégia de agrupamento genético* considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) de animais com genealogia desconhecida** para a característica de peso ao desmame

Estratégia de agrupamento	GG10			GG30			GG50		
	N	MIN	MAX	N	MIN	MAX	N	MIN	MAX
SAF	13	589	3.439	13	1.653	10.371	13	2.987	16.827
SEX	3	179	13.268	3	538	39.805	3	896	66.342
FAZ	45	3	3.356	46	2	10.240	42	3	17.359
SEL	6	85	6.726	6	220	20.471	6	408	33.959
FAZSEX	124	1	2.093	131	1	6.185	131	1	10.252
SAFFAZ	285	1	617	287	2	1.729	288	2	2.932
SAFSEX	39	3	1.992	39	20	5.906	39	26	9.952
SAFFAZSEX	673	1	341	766	1	1.000	800	1	1.694
RACA	15	11	5.343	15	33	15.518	15	62	27.731

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; SEL: caminho de seleção; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

**Estas informações não incluem o grupo genético atribuído aos animais-base. Estes dados foram obtidos da centésima análise de cada estratégia de agrupamento.

A inclusão dos grupos genéticos na avaliação genética de peso ao desmame também gerou bons resultados, dadas as eficiências de seleção superiores a 75% para até 30% de animais com genealogia desconhecida; independente da estratégia de agrupamento adotada (Tabela 20). Eficiências de seleção altas significam que aproximadamente os mesmos indivíduos estão sendo selecionados através dos

valores genéticos preditos sem e com grupos genéticos na avaliação genética, ou seja, os resultados obtidos pela abordagem com grupos genéticos se aproximam dos estimados considerando uma matriz de relacionamentos completa.

Novamente as diferenças entre as estratégias foram somente evidentes na maior intensidade de seleção e proporção de animais sem informações de pedigree. Diferentemente ao observado para peso ao nascimento, as maiores eficiências de seleção foram oriundas das estruturas SEX, SEL e SAFSEX, com valores médios de 81,5; 81,0 e 79,9%, respectivamente. Visto que para peso ao desmame foi estimado um coeficiente de herdabilidade menor (Tabela 10) e determinada uma mudança genética mais acentuada (Figura 4) comparativamente a peso ao nascimento (Figura 3), esperava-se um desempenho inferior quanto ao uso de grupos genéticos para a segunda característica. Possivelmente os melhores resultados atribuídos a peso ao desmame são devido a uma modelagem adequada dos efeitos ambientais e genéticos nesta característica, permitindo o isolamento da variabilidade genética e conseqüentemente, a melhor predição dos valores genéticos mesmo sob perda de informação de parentesco. Ao contrário, para peso ao nascimento, o modelo matemático empregado pode não ter sido eficiente para a estimação da variação devido ao ambiente e à genética, o que contribuiu para alterações mais visíveis na predição dos valores genéticos conforme mudanças foram efetuadas na estrutura da população e no modelo empregado. Um exemplo de efeito ambiental não considerado neste estudo e que poderia ser importante para peso ao nascimento é a data juliana de nascimento.

As estratégias SAF e RACA também foram associadas a altas eficiências de seleção e a uma resposta estável nas diferentes amostras de animais com parentesco desconhecido consideradas em cada análise genética.

Eficiências de seleção baixas foram associadas à SAFFAZ, com eficiência média de apenas 68,9% e SAFFAZSEX, com eficiência de seleção de 72,5%; provavelmente devido ao excessivo número de grupos genéticos formados. Com desvios-padrão elevados nestas estratégias, verifica-se uma inconsistência na eficácia de acordo com o grupo de animais sem informação de parentesco.

Tabela 20 - Média (M), desvio-padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais para peso ao desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos com genealogia desconhecida

Estratégia*	GG10				GG30				GG50			
	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX
<i>10% melhores animais</i>												
SAF	94,8	0,46	93,5	95,6	85,6	0,67	83,6	86,9	76,9	0,80	75,2	78,6
SEX	95,0	1,10	88,3	96,4	87,6	1,00	82,7	89,4	81,5	1,02	78,1	83,3
FAZ	92,9	0,71	91,0	94,5	82,6	1,49	78,2	86,7	75,6	2,30	68,8	79,9
SEL	95,4	1,10	90,8	96,9	86,9	1,14	82,8	88,8	81,0	1,81	76,4	83,1
FAZSEX	94,0	1,06	91,0	95,7	84,5	2,16	75,2	87,9	75,6	2,30	68,8	79,9
SAFFAZ	90,6	0,66	89,1	91,8	78,8	1,22	75,8	82,3	68,9	1,36	66,0	72,6
SAFSEX	95,2	1,00	92,2	96,8	86,8	2,28	78,7	90,5	79,9	2,47	73,0	83,5
SAFFAZSEX	93,0	0,61	91,6	94,4	82,7	1,21	79,7	85,5	72,3	1,75	67,8	76,5
RACA	94,0	0,68	91,7	95,7	83,0	1,05	80,4	85,3	75,1	1,16	71,9	77,2
<i>20% melhores animais</i>												
SAF	95,8	0,34	94,5	96,5	88,0	0,51	86,5	89,0	80,3	0,58	78,4	81,6
SEX	95,4	0,60	93,0	96,3	88,1	0,57	85,8	89,1	81,2	0,70	79,1	82,5
FAZ	94,5	0,44	93,1	95,4	85,6	0,84	82,3	87,7	78,2	1,21	74,9	80,7
SEL	95,7	0,62	93,9	96,9	87,9	0,66	85,8	89,2	81,2	0,75	78,8	82,7
FAZSEX	95,0	0,58	93,4	96,1	86,5	1,40	77,0	88,6	78,2	1,21	74,9	80,7
SAFFAZ	93,6	0,39	92,7	94,3	84,3	0,76	82,3	86,1	75,8	0,87	73,5	77,7
SAFSEX	95,9	0,51	94,6	96,8	88,2	1,17	84,2	90,9	81,4	1,22	77,9	83,2
SAFFAZSEX	94,6	0,41	93,2	95,6	85,9	0,71	84,4	87,9	76,9	1,14	74,2	79,7
RACA	95,1	0,53	92,9	96,1	86,1	0,81	83,3	87,9	79,0	0,81	76,8	80,6
<i>50% melhores animais</i>												
SAF	96,4	0,24	95,2	96,8	89,7	0,37	88,8	90,4	83,1	0,49	81,7	84,4
SEX	95,4	0,48	94,2	96,4	87,3	0,74	85,6	89,1	77,9	1,42	74,8	81,1
FAZ	95,7	0,23	95,2	96,3	87,8	0,55	86,3	88,9	78,8	0,76	77,1	80,5
SEL	95,7	0,40	94,6	96,4	87,6	0,53	86,3	88,9	78,9	0,64	76,9	80,4
FAZSEX	95,6	0,30	94,9	96,2	87,1	0,89	79,9	88,3	78,8	0,76	77,1	80,5
SAFFAZ	95,8	0,21	95,1	96,3	88,6	0,34	87,8	89,4	81,5	0,57	79,6	82,7
SAFSEX	96,2	0,21	95,6	96,6	88,7	0,49	87,2	89,7	81,4	0,74	79,2	82,9
SAFFAZSEX	95,9	0,20	95,1	96,3	88,5	0,34	87,5	89,2	80,7	0,58	79,5	82,2
RACA	96,0	0,30	94,3	96,4	88,2	0,58	86,4	89,4	81,3	0,60	79,7	82,5

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; SEL: caminho de seleção; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

As eficiências de seleção considerando-se apenas os animais da última safra foram ligeiramente superiores às estimadas a partir dos valores genéticos de todos os animais (Tabelas 21). Esperava-se uma redução nesta eficiência, sabendo-se

que animais jovens, não possuindo progênie, são mais dependentes das informações de seus ascendentes para a predição do valor genético. Contudo, pode-se admitir que a dependência da informação da família seja reduzida para as medidas de peso corporal devido às herdabilidades medianas a altas que as caracterizam, tornando a mensuração do próprio animal a fonte de informação mais importante na avaliação genética. Esta hipótese também explica o bom desempenho das estratégias de agrupamento nestas características, mesmo sob uma perda extrema de dados, chegando a cerca de 90.000 informações de parentesco ausentes.

Os resultados na seleção dos animais da última safra conduzem a conclusões semelhantes às apresentadas anteriormente. Nisto, as melhores estratégias de agrupamento foram SEX, SEL e SAFSEX; com médias de eficiência de seleção variando entre 83,1 e 97,0%, e conseqüentes perdas de seleção entre 3,0 e 16,9%, de acordo com a proporção de animais com genealogia desconhecida e intensidade de seleção.

Tabela 21 - Média (M), desvio-padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais da última safra para peso ao desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos com genealogia desconhecida

Estratégia*	GG10				GG30				GG50			
	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX
<i>10% melhores animais</i>												
SAF	94,9	1,32	90,4	97,2	87,3	2,13	78,3	90,8	77,3	3,61	63,2	83,4
SEX	96,1	0,90	92,6	97,7	90,5	1,15	86,8	92,8	84,6	1,44	80,7	87,7
FAZ	94,5	1,14	90,8	96,6	86,4	2,25	80,1	91,0	80,1	3,44	66,4	85,4
SEL	96,3	1,07	90,6	97,9	90,3	1,21	87,0	92,8	84,5	1,63	78,7	87,6
FAZSEX	94,9	1,49	90,9	97,4	87,0	2,65	77,3	92,1	80,1	3,44	66,4	85,4
SAFFAZ	89,6	2,72	81,6	94,0	79,1	3,80	71,5	87,4	70,4	4,40	55,4	78,1
SAFSEX	96,1	0,92	91,9	97,5	89,1	1,39	84,5	91,7	83,1	1,55	78,9	87,3
SAFFAZSEX	93,4	1,51	89,4	96,6	84,4	2,65	79,0	90,9	76,5	3,65	68,5	84,5
RACA	95,5	0,93	93,0	97,2	87,4	1,58	83,0	90,9	83,7	1,46	78,1	86,6
<i>20% melhores animais</i>												
SAF	95,8	0,75	93,0	97,0	89,7	1,26	84,2	91,7	81,3	2,08	72,7	84,5
SEX	96,0	0,53	94,5	97,1	90,4	0,86	87,7	92,2	84,7	1,05	82,0	87,2
FAZ	95,5	0,66	93,9	97,0	88,7	1,10	85,5	91,5	82,6	1,95	76,7	86,5
SEL	96,3	0,63	94,5	97,6	90,5	0,87	88,2	92,6	85,0	1,00	82,0	87,3
FAZSEX	95,6	0,77	93,1	97,4	88,7	1,68	79,3	92,4	82,6	1,95	76,7	86,5
SAFFAZ	93,3	1,33	89,8	95,6	85,2	2,15	78,5	89,5	77,8	2,88	67,9	82,7
SAFSEX	96,3	0,64	93,6	97,2	89,9	1,02	87,1	91,8	84,3	1,01	80,8	86,7
SAFFAZSEX	95,0	0,83	93,0	97,1	87,5	1,43	84,3	90,6	81,0	2,39	75,5	85,9
RACA	96,1	0,59	94,4	97,4	89,4	1,03	87,1	91,6	85,6	1,10	82,0	87,3
<i>50% melhores animais</i>												
SAF	97,1	0,38	96,0	97,8	92,2	0,73	89,9	93,7	86,9	0,87	82,9	88,5
SEX	96,5	0,52	94,6	97,4	90,9	0,89	88,2	93,1	85,5	1,25	82,8	88,0
FAZ	96,8	0,42	95,5	97,6	91,5	0,88	89,6	93,3	85,7	1,20	82,8	88,4
SEL	96,7	0,57	95,1	97,6	91,3	0,71	88,9	93,6	86,6	0,78	84,8	88,4
FAZSEX	96,6	0,49	95,1	97,5	90,6	1,22	82,5	92,8	85,7	1,20	82,8	88,4
SAFFAZ	96,3	0,48	95,0	97,1	90,9	1,00	88,4	92,9	85,7	1,63	80,7	89,8
SAFSEX	97,0	0,39	95,8	97,6	91,3	0,73	89,5	92,9	86,7	0,87	83,7	88,2
SAFFAZSEX	96,6	0,39	95,6	97,5	91,2	0,80	89,2	92,8	85,9	1,28	82,4	88,1
RACA	97,1	0,38	96,0	97,8	92,1	0,72	89,9	93,4	88,1	0,73	85,9	89,7

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; SEL: caminho de seleção; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Houve uma redução nas correlações conforme o aumento na proporção de animais com genealogia desconhecida no banco de dados. As correlações foram altas, acima de 0,80 para 10% de indivíduos associados a um grupo genético, demonstrando poucas alterações na predição de valores genéticos bem como na classificação dos animais quando o nível de perda de informação é baixo (Tabelas 22 e 23).

As maiores correlações foram obtidas a partir das estratégias de SAF e RACA, contrariando aos resultados de eficiência e perda de seleção. Sabendo-se que nesta avaliação todos os indivíduos mensurados são considerados, é possível inferir que estas estratégias são mais eficientes que as demais na estimação de valores genéticos, inclusive para animais associados a valores genéticos baixos e/ou pouco acurados. Ao contrário, as estratégias SEX, SEL e SAFSEX não se mostraram tão eficazes nesta situação, principalmente para situações extremas de perdas de registro (30 e 50%), visto que os valores de correlação se aproximaram das estratégias caracterizadas por eficiências de seleção de intermediárias a baixas. Possivelmente as estratégias SEX e SEL, associadas à formação de poucos grupos com um número elevado de pais “fantasmas”, não ajustaram adequadamente as diferenças genéticas existentes na população, especificamente as diferenças existentes entre touros, visto que a mudança genética nestes é rápida devido ao menor intervalo de gerações e a maior intensidade de seleção comparativamente às fêmeas. Por sua vez, a estratégia SAFSEX provavelmente foi penalizada pelo agrupamento das mães “fantasmas” por safra de nascimento. Nas fêmeas, o progresso genético é mais lento, dado que a necessidade de mais animais para a reprodução acarreta em maiores intervalos de gerações e menores intensidades de seleção; não sendo, portanto, necessária, a separação das mesmas por ano de nascimento para a representação das diferenças genéticas. Além disso, tendo-se um baixo número de mães “fantasmas”, a distinção das mesmas através de um critério adicional ocasiona na formação de grupos com poucos animais, o que prejudica a estimação do efeito do grupo genético, o qual será utilizado na correção dos valores genéticos dos indivíduos associados a este determinado grupo. Em Casellas, Piedrafita e Varona (2007), este problema foi amenizado agrupando-se somente os pais “fantasmas” por ano de nascimento e reunindo as mães “fantasmas” em um grupo único.

As correlações entre os valores genéticos foram menores que as correlações de ordem, especificamente nas estratégias com menores valores destes parâmetros, como FAZSEX, SAFFAZ e SAFFAZSEX; e nos maiores níveis de perda de informação. Segundo Phocas e Laloë (2004), o uso de grupos genéticos acarreta em soluções não viesadas; entretanto, menos acuradas dos valores genéticos. Por sua vez, valores genéticos menos acurados são mais regredidos, se aproximando de zero (CREWS; KEMP, 2002; KINGHORN; WERF; RYAN, 2006). Assim sendo, pode-se assumir que as menores correlações entre os valores genéticos se devem a uma redução nos mesmos devido a uma redução também na acurácia; sendo este efeito mais visível nas estratégias menos hábeis em estimar os efeitos de grupos e conseqüentemente, os valores genéticos dos animais. Contudo, a redução nos valores genéticos não influenciou na classificação dos indivíduos ou a eficiência de seleção. Além disso, esta redução foi mais severa para animais cujos valores genéticos já eram baixos e, possivelmente, menos acurados. A média dos valores genéticos obtidos sem o uso de grupos genéticos foi de 2,71 kg, enquanto que com grupos genéticos esta média variou de 0,69 para SAFSEX a 0,88 para RACA, considerando 10% de indivíduos sem genealogia; de 0,44 para SAFSEX a 0,94 para RACA em análise com 30% de animais sem informação de parentesco, e 0,17 para SEX a 0,83 para RACA, com 50% dos animais sem algum registro de parentesco.

Este comportamento não foi observado para peso ao nascimento possivelmente devido ao alto coeficiente de herdabilidade vinculado a esta característica, o qual contribui para acurácias maiores. Adicionalmente, deve-se considerar a maior importância do efeito materno para peso ao desmame, cujas estimativas e respectivas acurácias, as quais são empregadas na estimação dos valores genéticos (CREWS; WANG, 2007), também são dependentes das informações de relacionamentos genéticos, podendo sofrer alterações com a ausência destes.

Os resultados obtidos para os animais da última safra conduziram às mesmas inferências abordadas para as análises envolvendo todos os indivíduos mensurados (Tabelas 24 e 25).

Tabela 22 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para peso ao desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) dos animais com genealogia desconhecida

Estratégia*	Cenário	Correlação de Pearson			
		M	DP	MIN	MAX
SAF	GG10	0,93	0,003	0,92	0,94
	GG30	0,81	0,005	0,80	0,82
	GG50	0,69	0,005	0,68	0,71
SEX	GG10	0,90	0,022	0,83	0,93
	GG30	0,74	0,030	0,65	0,80
	GG50	0,56	0,055	0,42	0,67
FAZ	GG10	0,90	0,012	0,86	0,92
	GG30	0,76	0,024	0,66	0,79
	GG50	0,51	0,042	0,39	0,60
SEL	GG10	0,89	0,037	0,75	0,94
	GG30	0,74	0,027	0,66	0,79
	GG50	0,57	0,037	0,49	0,65
FAZSEX	GG10	0,87	0,035	0,77	0,93
	GG30	0,66	0,042	0,57	0,76
	GG50	0,51	0,042	0,39	0,60
SAFFAZ	GG10	0,82	0,018	0,77	0,86
	GG30	0,69	0,022	0,62	0,73
	GG50	0,56	0,019	0,50	0,60
SAFSEX	GG10	0,88	0,043	0,74	0,93
	GG30	0,70	0,045	0,55	0,78
	GG50	0,58	0,038	0,45	0,66
SAFFAZSEX	GG10	0,86	0,024	0,79	0,89
	GG30	0,67	0,033	0,60	0,74
	GG50	0,52	0,031	0,41	0,58
RACA	GG10	0,93	0,005	0,91	0,94
	GG30	0,79	0,008	0,77	0,81
	GG50	0,66	0,009	0,63	0,68

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; SEL: caminho de seleção; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 23 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Spearman entre a classificação dos animais de acordo com valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para peso ao desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) com genealogia desconhecida

Estratégia*	Cenário	Correlação de Spearman			
		M	DP	MIN	MAX
SAF	GG10	0,94	0,004	0,92	0,94
	GG30	0,82	0,005	0,80	0,83
	GG50	0,70	0,006	0,68	0,71
SEX	GG10	0,92	0,011	0,89	0,93
	GG30	0,77	0,016	0,73	0,80
	GG50	0,61	0,028	0,54	0,67
FAZ	GG10	0,92	0,004	0,91	0,93
	GG30	0,78	0,011	0,74	0,80
	GG50	0,61	0,015	0,58	0,65
SEL	GG10	0,92	0,010	0,89	0,94
	GG30	0,78	0,010	0,75	0,80
	GG50	0,63	0,014	0,60	0,66
FAZSEX	GG10	0,92	0,006	0,91	0,93
	GG30	0,76	0,017	0,64	0,79
	GG50	0,61	0,015	0,58	0,65
SAFFAZ	GG10	0,91	0,004	0,90	0,92
	GG30	0,78	0,006	0,76	0,79
	GG50	0,65	0,008	0,62	0,67
SAFSEX	GG10	0,93	0,005	0,91	0,94
	GG30	0,78	0,012	0,75	0,81
	GG50	0,66	0,015	0,61	0,69
SAFFAZSEX	GG10	0,92	0,004	0,90	0,93
	GG30	0,78	0,007	0,76	0,79
	GG50	0,64	0,010	0,62	0,66
RACA	GG10	0,93	0,005	0,90	0,94
	GG30	0,79	0,009	0,77	0,81
	GG50	0,67	0,009	0,64	0,69

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; SEL: caminho de seleção; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 24 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos para indivíduos da última safra na análise genética sem e com grupos genéticos para peso ao desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) dos animais com genealogia desconhecida

Estratégia*	Cenário	Correlação de Pearson			
		M	DP	MIN	MAX
SAF	GG10	0,92	0,010	0,89	0,94
	GG30	0,80	0,017	0,72	0,84
	GG50	0,66	0,021	0,57	0,69
SEX	GG10	0,90	0,022	0,82	0,93
	GG30	0,75	0,035	0,64	0,82
	GG50	0,58	0,055	0,44	0,69
FAZ	GG10	0,89	0,025	0,76	0,93
	GG30	0,74	0,046	0,56	0,80
	GG50	0,51	0,065	0,36	0,63
SEL	GG10	0,88	0,047	0,67	0,93
	GG30	0,76	0,026	0,67	0,81
	GG50	0,59	0,036	0,48	0,67
FAZSEX	GG10	0,83	0,067	0,58	0,93
	GG30	0,63	0,070	0,46	0,77
	GG50	0,51	0,065	0,36	0,63
SAFFAZ	GG10	0,75	0,066	0,59	0,86
	GG30	0,58	0,088	0,34	0,74
	GG50	0,45	0,074	0,25	0,60
SAFSEX	GG10	0,91	0,015	0,85	0,93
	GG30	0,76	0,017	0,71	0,80
	GG50	0,65	0,018	0,61	0,69
SAFFAZSEX	GG10	0,84	0,031	0,74	0,90
	GG30	0,66	0,059	0,41	0,75
	GG50	0,50	0,060	0,34	0,64
RACA	GG10	0,92	0,014	0,86	0,93
	GG30	0,78	0,020	0,71	0,82
	GG50	0,69	0,018	0,64	0,73

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; SEL: caminho de seleção; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 25 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Spearman entre a classificação dos animais da última safra de acordo com valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para peso ao desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% dos animais com genealogia desconhecida

Estratégia*	Cenário	Correlação de Spearman			
		M	DP	MIN	MAX
SAF	GG10	0,92	0,010	0,89	0,94
	GG30	0,80	0,017	0,73	0,84
	GG50	0,67	0,019	0,59	0,70
SEX	GG10	0,90	0,013	0,86	0,93
	GG30	0,76	0,023	0,70	0,81
	GG50	0,62	0,035	0,54	0,70
FAZ	GG10	0,91	0,009	0,89	0,93
	GG30	0,77	0,024	0,71	0,82
	GG50	0,61	0,032	0,53	0,69
SEL	GG10	0,91	0,016	0,86	0,93
	GG30	0,77	0,016	0,72	0,82
	GG50	0,65	0,019	0,59	0,70
FAZSEX	GG10	0,90	0,013	0,86	0,93
	GG30	0,74	0,031	0,56	0,80
	GG50	0,61	0,032	0,53	0,69
SAFFAZ	GG10	0,88	0,014	0,85	0,91
	GG30	0,74	0,026	0,68	0,80
	GG50	0,61	0,039	0,51	0,70
SAFSEX	GG10	0,92	0,009	0,88	0,94
	GG30	0,78	0,016	0,73	0,81
	GG50	0,66	0,017	0,61	0,70
SAFFAZSEX	GG10	0,90	0,011	0,87	0,93
	GG30	0,75	0,019	0,70	0,80
	GG50	0,62	0,032	0,54	0,68
RACA	GG10	0,92	0,009	0,89	0,94
	GG30	0,79	0,016	0,75	0,82
	GG50	0,70	0,017	0,65	0,73

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; SEL: caminho de seleção; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

A relação entre os valores genéticos estimados sem e com o emprego de grupos genéticos, de acordo com a proporção de animais com genealogia desconhecida, é ilustrada nas figuras 12, 13 e 14. Quando apenas 10% dos animais não possuíam informação de parentesco, as correlações entre os valores genéticos

foram altas, independente da estrutura considerada (Figura 12). Entretanto, à medida que esta proporção aumenta, esta correlação diminui (Figuras 13 e 14).

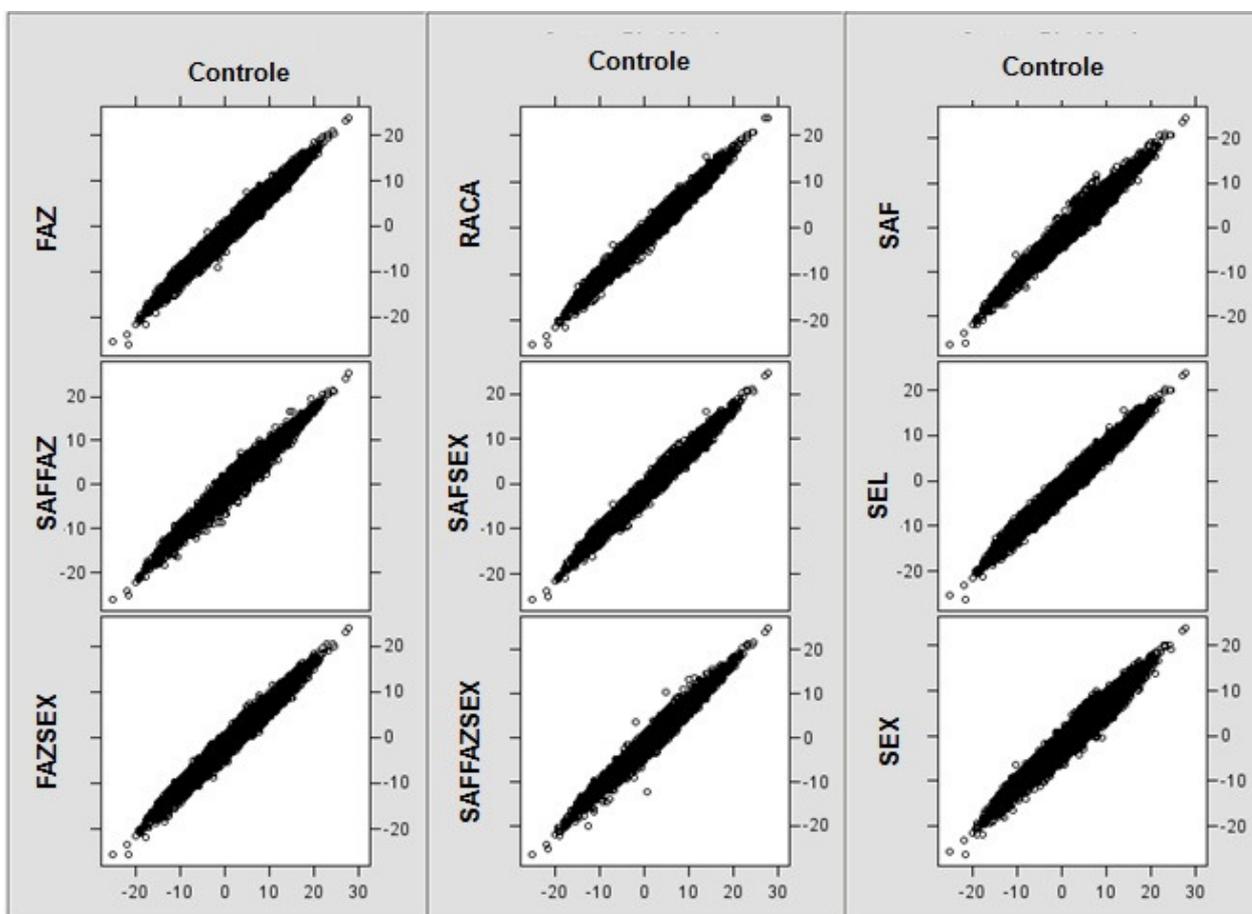


Figura 12 - Relação entre os valores genéticos obtidos para peso ao desmame na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 10% dos indivíduos sem com genealogia desconhecida

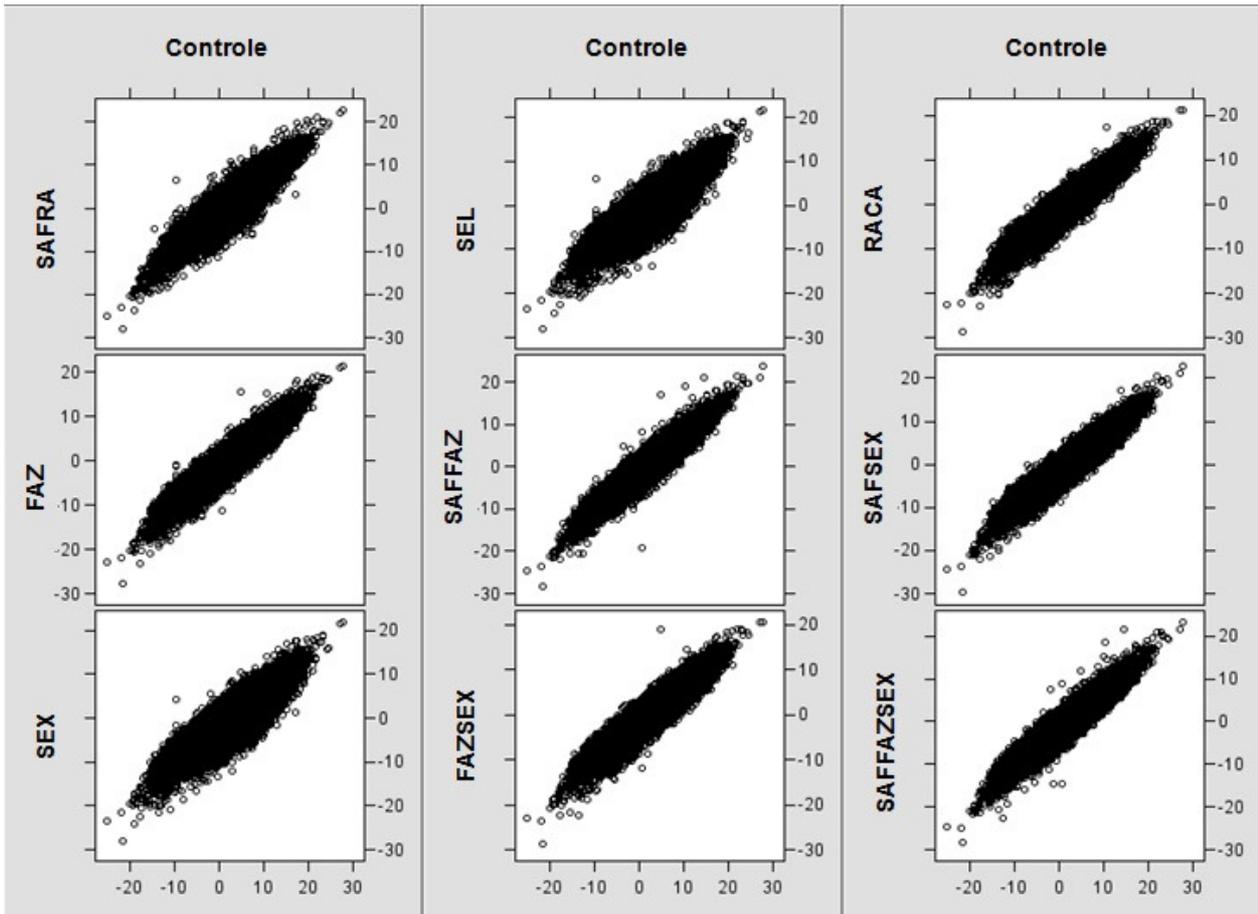


Figura 13 - Relação entre os valores genéticos obtidos para peso ao desmame na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 30% dos indivíduos com genealogia desconhecida

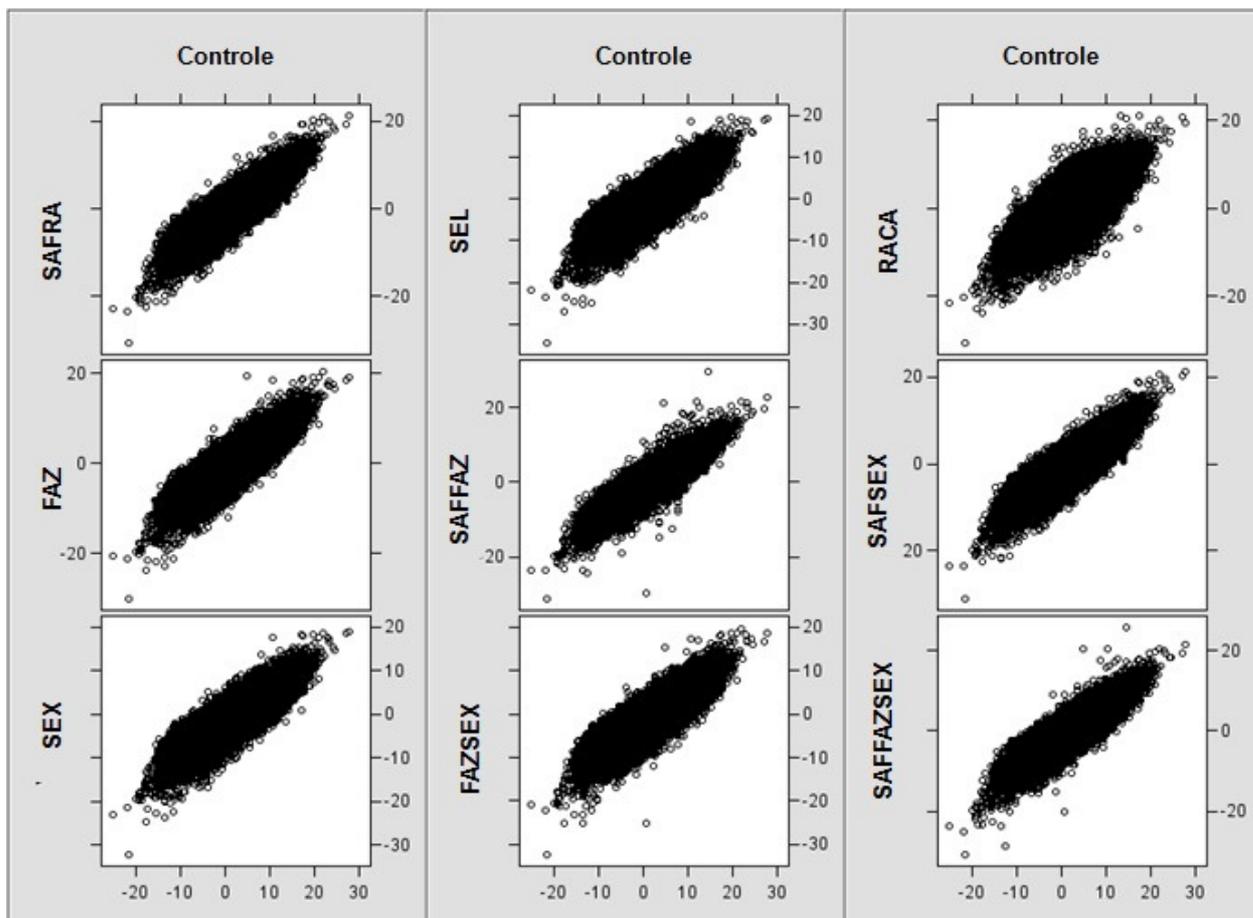


Figura 14 - Relação entre os valores genéticos obtidos para peso ao desmame na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 50% dos indivíduos com genealogia desconhecida

Um resumo dos resultados é observado no dendrograma da Figura 15 e reflete o discutido anteriormente. Dos aglomerados formados, considerando a distância média de 0,75; ressalta-se a junção das estratégias SAF e RACA, que possuem eficiências de seleção e correlações altas, com desvios-padrão baixos; e das estratégias SEX e SEL que, apesar das eficiências altas, ocasionaram em valores de correlação menores.

Verifica-se ainda a aglomeração da estratégia FAZ às estruturas SAFFAZ e SAFFAZSEX; possivelmente devido a uma falha desta em representar as diferenças genéticas existentes na população, visto que a mesma, diferentemente de SAFFAZ e SAFFAZSEX, está associada a um número intermediário de grupos genéticos.

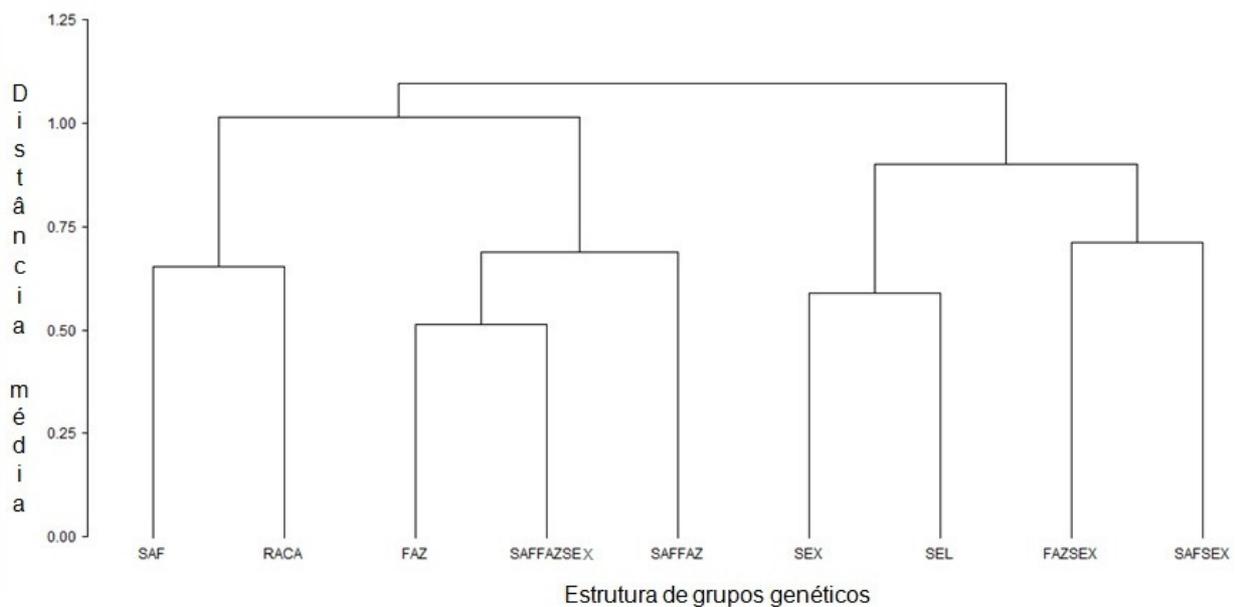


Figura 15 - Dendrograma da análise de agrupamento das estruturas de grupos genéticos na característica de peso ao desmame

6.3.3 Ganho de peso pós-desmame

O número de grupos genéticos formados por estratégia de agrupamento seguiu a tendência observada para as características de peso ao nascimento e peso ao desmame, tendo-se um menor número de grupos associados às estruturas SEX, SEL, SAF e RACA, e um grande número de grupos formados a partir das estratégias FAZSEX, SAFFAZ e SAFFAZSEX. No entanto, dado que há um montante menor de indivíduos mensurados para esta característica, mesmo em estratégias caracterizadas pela formação de um número intermediário de grupos genéticos foram observados vários grupos com poucos pais “fantasmas” (Tabela 26).

Tabela 26 - Número de grupos genéticos (N), mínimo (MIN) e máximo (MAX) de pais “fantasmas” por grupo em cada estratégia de agrupamento genético* para ganho de peso pós-desmame considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) de animais com genealogia desconhecida**

Estratégia de agrupamento	GG10			GG30			GG50		
	N	MIN	MAX	N	MIN	MAX	N	MIN	MAX
SAF	13	201	1.407	13	553	3.889	13	978	6567
SEX	3	62	4.584	3	186	13.752	3	310	22.921
FAZ	43	4	998	44	8	2.930	44	10	4.778
SEL	6	18	2.890	6	64	8.409	6	124	14.332
FAZSEX	112	1	586	123	1	1.630	123	1	2.836
SAFFAZ	240	1	220	241	3	644	241	6	1.079
SAFSEX	39	1	751	39	4	2.244	39	5	3.933
SAFFAZSEX	504	1	132	578	1	343	626	1	614
RACA	16	2	2.264	16	6	6.771	16	15	11.273

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

**Estas informações não incluem o grupo genético atribuído aos animais-base. Estes dados foram obtidos da centésima análise de cada estratégia de agrupamento.

Esperava-se que para ganho de peso pós-desmame houvesse uma redução na eficiência de seleção, dado que se trata de uma característica de herdabilidade baixa e, conseqüentemente, dependente da qualidade das informações de parentes na predição dos valores genéticos. Contudo, as eficiências de seleção foram superiores às observadas para peso ao nascimento e peso ao desmame. Primeiramente pode-se inferir que a baixa herdabilidade estimada neste trabalho é realmente uma deficiência no isolamento dos efeitos aditivos e não-aditivos relacionados a esta característica, como sugerido por Mourão (2005) e, portanto, não estima adequadamente o valor verdadeiro deste parâmetro. Pode-se considerar ainda que este desempenho inferior para as medidas de peso corporal pré-desmame se deve à presença de efeitos de origem materna, os quais também são influenciados pela ausência de informação de parentesco e, por sua vez, afetam a predição do valor genético juntamente ao efeito genético aditivo direto.

As eficiências de seleção foram elevadas, com valores entre 73,1 e 97,3% de acordo com a estratégia de agrupamento, intensidade de seleção e proporção de animais com parentesco desconhecido consideradas. Os resultados foram próximos entre as estratégias estudadas, sendo as maiores perdas de seleção associadas às estratégias com um maior número de grupos genéticos formados (Tabela 27). Como ressaltado anteriormente, o emprego das estratégias FAZSEX, SAFFAZ e SAFFAZSEX acarretaram na formação de um número superior a 100 grupos, majoritariamente compostos por menos de dez animais. Grupos com poucos animais apresentam estimativas maiores do àquelas obtidas para grupos formados por muitos pais “fantasmas”, indicando uma superestimação dos efeitos de grupos genéticos quando estes estão associados a número reduzido de indivíduos.

As demais estratégias apresentaram eficiências de seleção altas e consistentes, dado os baixos valores de desvio-padrão. O comportamento observado nas eficiências de seleção é repetido nas análises envolvendo apenas animais da última safra e para as correlações (Tabelas de 28 a 32).

Tabela 27 - Média (M), desvio-padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais para ganho de peso pós-desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos com genealogia desconhecida

Estratégia*	GG10				GG30				GG50			
	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX
<i>10% melhores animais</i>												
SAF	97,4	0,26	96,7	97,9	92,5	0,45	91,1	93,5	87,0	0,53	85,5	88,6
SEX	97,6	0,22	96,9	98,0	92,7	0,32	91,9	93,4	87,2	0,46	86,0	88,2
FAZ	96,6	0,43	95,2	97,4	91,2	0,63	89,3	92,5	85,2	0,88	82,7	87,0
SEL	97,6	0,20	96,9	97,9	92,6	0,35	91,6	93,8	87,1	0,48	85,5	88,4
FAZSEX	95,8	0,53	94,3	97,2	90,1	0,68	88,0	91,6	84,1	0,89	81,4	85,8
SAFFAZ	94,0	0,58	92,5	95,4	87,3	0,90	85,0	88,9	80,2	1,08	77,9	83,6
SAFSEX	97,0	0,35	96,0	97,6	92,2	0,42	90,9	93,0	86,7	0,60	84,9	88,0
SAFFAZSEX	91,8	0,68	90,2	93,3	83,9	0,86	81,9	85,8	76,5	1,17	73,1	78,6
RACA	97,3	0,26	96,6	97,8	92,1	0,47	90,4	93,1	86,1	0,85	82,8	88,0
<i>20% melhores animais</i>												
SAF	97,1	0,21	96,6	97,6	91,9	0,34	90,7	92,6	86,2	0,45	85,0	87,6
SEX	97,3	0,18	96,9	97,6	92,0	0,23	91,4	92,5	86,4	0,32	85,7	87,0
FAZ	96,6	0,29	95,8	97,2	90,9	0,45	89,7	91,8	84,8	0,64	82,7	86,2
SEL	97,3	0,17	96,6	97,6	91,9	0,28	91,2	92,8	86,3	0,34	85,5	87,1
FAZSEX	96,2	0,33	95,4	97,0	90,2	0,47	88,9	91,1	84,0	0,69	81,7	85,3
SAFFAZ	95,4	0,33	94,5	96,0	88,7	0,57	87,2	89,7	81,9	0,74	80,2	84,0
SAFSEX	96,9	0,26	96,2	97,3	91,6	0,35	90,7	92,3	85,9	0,52	84,5	87,3
SAFFAZSEX	94,3	0,36	93,3	95,2	86,8	0,58	85,2	88,5	79,6	0,76	77,2	81,0
RACA	97,1	0,22	96,5	97,6	91,6	0,38	90,4	92,4	85,6	0,59	83,5	86,9
<i>50% melhores animais</i>												
SAF	97,1	0,14	96,8	97,4	92,1	0,24	91,3	92,6	86,8	0,32	86,1	87,7
SEX	97,3	0,11	96,9	97,5	92,0	0,17	91,5	92,5	86,9	0,21	86,3	87,5
FAZ	96,9	0,14	96,5	97,2	91,3	0,27	90,6	91,9	85,8	0,43	84,3	86,7
SEL	97,2	0,13	96,7	97,5	92,0	0,21	91,5	92,6	86,7	0,26	86,0	87,2
FAZSEX	96,6	0,16	96,1	96,9	90,9	0,31	90,1	91,5	85,2	0,51	83,6	86,3
SAFFAZ	96,4	0,16	95,9	96,8	90,4	0,31	89,6	91,0	84,3	0,49	83,2	85,5
SAFSEX	97,0	0,14	96,6	97,3	91,8	0,25	91,1	92,4	86,7	0,36	85,7	87,4
SAFFAZSEX	96,1	0,20	95,0	96,5	89,6	0,36	88,8	90,7	83,1	0,48	81,8	84,4
RACA	97,2	0,14	96,8	97,5	91,8	0,23	91,0	92,4	86,5	0,33	85,6	87,2

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 28 - Média (M), desvio-padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais da última safra para ganho de peso pós-desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos com genealogia desconhecida

Estratégia*	GG10				GG30				GG50			
	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX
<i>10% melhores animais</i>												
SAF	96,8	2,28	86,1	99,1	92,8	2,13	82,9	96,1	88,4	2,61	70,9	91,9
SEX	97,6	0,68	96,0	99,0	93,7	1,06	89,9	96,0	89,2	1,58	84,9	92,4
FAZ	96,9	1,07	93,0	98,6	92,1	1,52	88,6	95,3	87,5	2,09	80,3	91,8
SEL	97,8	0,73	94,6	99,3	93,4	1,23	89,3	96,0	88,9	1,54	82,2	91,7
FAZSEX	96,5	0,97	94,4	98,7	91,5	1,84	85,6	95,0	86,7	2,35	80,8	93,0
SAFFAZ	92,0	3,06	82,8	98,2	84,3	4,25	73,4	93,9	77,8	5,69	62,9	91,1
SAFSEX	95,8	3,11	79,8	98,5	92,3	2,06	84,8	96,0	87,5	2,57	73,8	91,5
SAFFAZSEX	89,8	3,53	76,1	96,8	79,9	5,47	65,2	89,4	73,7	5,29	58,2	85,2
RACA	97,3	1,02	93,9	98,8	93,2	1,58	85,9	96,4	88,4	2,23	80,8	91,9
<i>20% melhores animais</i>												
SAF	97,0	1,46	91,2	98,7	92,8	1,73	86,8	95,1	88,6	2,08	76,7	91,5
SEX	97,7	0,52	96,1	98,7	93,7	0,84	90,4	95,6	89,7	1,28	85,2	92,4
FAZ	97,2	0,76	94,8	98,6	92,4	1,18	89,3	95,1	88,2	1,45	84,1	90,8
SEL	97,7	0,56	95,6	98,9	93,4	0,99	89,2	95,5	89,4	1,36	83,0	91,8
FAZSEX	97,1	0,67	95,5	98,4	92,2	1,25	88,2	94,9	87,9	1,65	82,3	91,6
SAFFAZ	94,9	1,60	90,8	98,5	88,3	2,46	81,9	93,1	81,9	3,90	71,9	88,4
SAFSEX	96,5	2,02	86,2	98,4	92,5	1,93	84,4	95,3	88,0	2,35	78,5	91,8
SAFFAZSEX	94,0	1,81	87,1	97,6	86,1	3,25	76,8	91,2	79,4	3,47	69,6	88,1
RACA	97,4	0,62	95,5	98,4	93,3	1,24	89,7	95,8	88,9	1,34	84,4	91,3
<i>50% melhores animais</i>												
SAF	97,4	0,69	95,3	98,4	93,0	1,01	89,6	95,1	88,8	1,24	83,0	91,2
SEX	97,7	0,40	97,0	98,9	93,3	0,68	91,4	94,8	89,2	0,90	86,7	91,7
FAZ	97,5	0,45	96,3	98,6	92,9	0,96	90,5	95,1	88,6	1,07	85,8	90,8
SEL	97,7	0,40	96,9	98,8	93,2	0,69	90,9	94,7	89,1	0,77	87,1	90,7
FAZSEX	97,3	0,47	96,2	98,3	92,7	0,99	90,3	94,8	88,4	1,37	84,2	91,1
SAFFAZ	96,7	0,56	95,6	98,2	91,2	1,37	86,6	93,9	85,3	2,27	79,8	89,4
SAFSEX	97,2	0,68	95,2	98,5	92,6	1,07	88,9	94,8	88,5	1,31	84,8	90,9
SAFFAZSEX	96,6	0,63	94,6	97,9	90,7	1,39	86,9	94,5	85,0	2,09	79,2	89,0
RACA	97,7	0,40	96,6	98,6	93,6	0,71	91,8	95,4	89,9	0,66	88,0	91,3

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 29 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para ganho de peso pós-desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) dos animais com genealogia desconhecida

Estratégia*	Cenário	Correlação de Pearson			
		M	DP	MIN	MAX
SAF	GG10	0,96	0,002	0,96	0,97
	GG30	0,89	0,003	0,88	0,90
	GG50	0,82	0,004	0,81	0,84
SEX	GG10	0,96	0,002	0,96	0,97
	GG30	0,90	0,002	0,89	0,90
	GG50	0,82	0,003	0,82	0,83
FAZ	GG10	0,95	0,003	0,94	0,96
	GG30	0,88	0,005	0,86	0,89
	GG50	0,80	0,008	0,78	0,82
SEL	GG10	0,96	0,002	0,96	0,97
	GG30	0,89	0,003	0,89	0,90
	GG50	0,82	0,004	0,81	0,83
FAZSEX	GG10	0,94	0,005	0,93	0,95
	GG30	0,86	0,005	0,84	0,87
	GG50	0,78	0,008	0,75	0,80
SAFFAZ	GG10	0,91	0,006	0,89	0,92
	GG30	0,83	0,008	0,81	0,85
	GG50	0,73	0,012	0,70	0,77
SAFSEX	GG10	0,96	0,002	0,95	0,96
	GG30	0,89	0,004	0,88	0,90
	GG50	0,82	0,005	0,80	0,83
SAFFAZSEX	GG10	0,86	0,007	0,84	0,89
	GG30	0,77	0,009	0,75	0,79
	GG50	0,68	0,010	0,66	0,71
RACA	GG10	0,96	0,002	0,96	0,97
	GG30	0,89	0,003	0,88	0,90
	GG50	0,81	0,006	0,79	0,82

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 30 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Spearman entre a classificação dos animais de acordo com valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para ganho de peso pós-desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) com genealogia desconhecida

Estratégia*	Cenário	Correlação de Spearman			
		M	DP	MIN	MAX
SAF	GG10	0,96	0,002	0,95	0,96
	GG30	0,88	0,004	0,87	0,89
	GG50	0,80	0,005	0,79	0,82
SEX	GG10	0,96	0,002	0,95	0,96
	GG30	0,88	0,003	0,88	0,89
	GG50	0,80	0,003	0,79	0,81
FAZ	GG10	0,95	0,003	0,94	0,96
	GG30	0,87	0,005	0,86	0,88
	GG50	0,78	0,007	0,76	0,80
SEL	GG10	0,96	0,002	0,95	0,96
	GG30	0,88	0,003	0,87	0,89
	GG50	0,80	0,004	0,79	0,81
FAZSEX	GG10	0,95	0,003	0,94	0,95
	GG30	0,86	0,005	0,85	0,87
	GG50	0,77	0,008	0,74	0,79
SAFFAZ	GG10	0,94	0,003	0,93	0,94
	GG30	0,84	0,005	0,83	0,85
	GG50	0,74	0,009	0,73	0,77
SAFSEX	GG10	0,95	0,002	0,95	0,96
	GG30	0,88	0,004	0,87	0,89
	GG50	0,80	0,006	0,78	0,81
SAFFAZSEX	GG10	0,92	0,003	0,91	0,93
	GG30	0,82	0,006	0,80	0,84
	GG50	0,72	0,008	0,69	0,73
RACA	GG10	0,96	0,002	0,95	0,96
	GG30	0,88	0,004	0,87	0,89
	GG50	0,79	0,006	0,78	0,80

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 31 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos para indivíduos da última safra na análise genética sem e com grupos genéticos para ganho de peso pós-desmame, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) dos animais com genealogia desconhecida

Estratégia*	Cenário	Correlação de Pearson			
		M	DP	MIN	MAX
SAF	GG10	0,95	0,015	0,90	0,97
	GG30	0,88	0,017	0,82	0,91
	GG50	0,81	0,021	0,70	0,85
SEX	GG10	0,96	0,006	0,95	0,97
	GG30	0,89	0,011	0,86	0,92
	GG50	0,82	0,013	0,79	0,85
FAZ	GG10	0,94	0,025	0,81	0,97
	GG30	0,86	0,025	0,77	0,91
	GG50	0,78	0,033	0,68	0,84
SEL	GG10	0,96	0,006	0,94	0,97
	GG30	0,89	0,011	0,85	0,90
	GG50	0,81	0,015	0,77	0,84
FAZSEX	GG10	0,92	0,023	0,84	0,96
	GG30	0,83	0,031	0,74	0,89
	GG50	0,75	0,041	0,64	0,82
SAFFAZ	GG10	0,85	0,038	0,78	0,92
	GG30	0,76	0,046	0,59	0,85
	GG50	0,65	0,060	0,49	0,78
SAFSEX	GG10	0,94	0,022	0,88	0,97
	GG30	0,87	0,022	0,77	0,91
	GG50	0,79	0,024	0,74	0,84
SAFFAZSEX	GG10	0,79	0,040	0,71	0,87
	GG30	0,69	0,044	0,59	0,83
	GG50	0,60	0,046	0,50	0,69
RACA	GG10	0,95	0,012	0,91	0,97
	GG30	0,88	0,018	0,82	0,92
	GG50	0,82	0,017	0,76	0,85

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 32 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Spearman entre a classificação dos animais da última safra de acordo com valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para ganho de peso, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% dos animais com genealogia desconhecida

Estratégia*	Cenário	Correlação de Spearman			
		M	DP	MIN	MAX
SAF	GG10	0,95	0,016	0,90	0,97
	GG30	0,86	0,020	0,79	0,90
	GG50	0,78	0,023	0,67	0,82
SEX	GG10	0,95	0,006	0,94	0,97
	GG30	0,87	0,012	0,84	0,90
	GG50	0,79	0,015	0,75	0,83
FAZ	GG10	0,94	0,009	0,93	0,97
	GG30	0,85	0,019	0,81	0,90
	GG50	0,77	0,021	0,72	0,82
SEL	GG10	0,95	0,007	0,94	0,97
	GG30	0,87	0,013	0,82	0,90
	GG50	0,79	0,015	0,73	0,82
FAZSEX	GG10	0,94	0,009	0,92	0,96
	GG30	0,85	0,018	0,79	0,89
	GG50	0,76	0,028	0,67	0,81
SAFFAZ	GG10	0,91	0,014	0,88	0,94
	GG30	0,79	0,031	0,69	0,85
	GG50	0,67	0,049	0,56	0,77
SAFSEX	GG10	0,94	0,017	0,88	0,97
	GG30	0,86	0,023	0,75	0,89
	GG50	0,77	0,026	0,70	0,82
SAFFAZSEX	GG10	0,90	0,015	0,86	0,93
	GG30	0,77	0,031	0,69	0,85
	GG50	0,65	0,043	0,52	0,74
RACA	GG10	0,95	0,007	0,93	0,97
	GG30	0,87	0,013	0,84	0,91
	GG50	0,79	0,013	0,75	0,82

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Observa-se na Figura 16 maiores desvios da reta nas estratégias SAFFAZ e SAFFAZSEX, indicando uma menor correlação entre os valores genéticos obtidos nestas análises e na análise sem grupos genéticos. À medida que a proporção de

indivíduos sem registro de parentesco aumenta (Figuras 17 e 18), estes desvios tornam-se também visíveis nas demais estratégias.

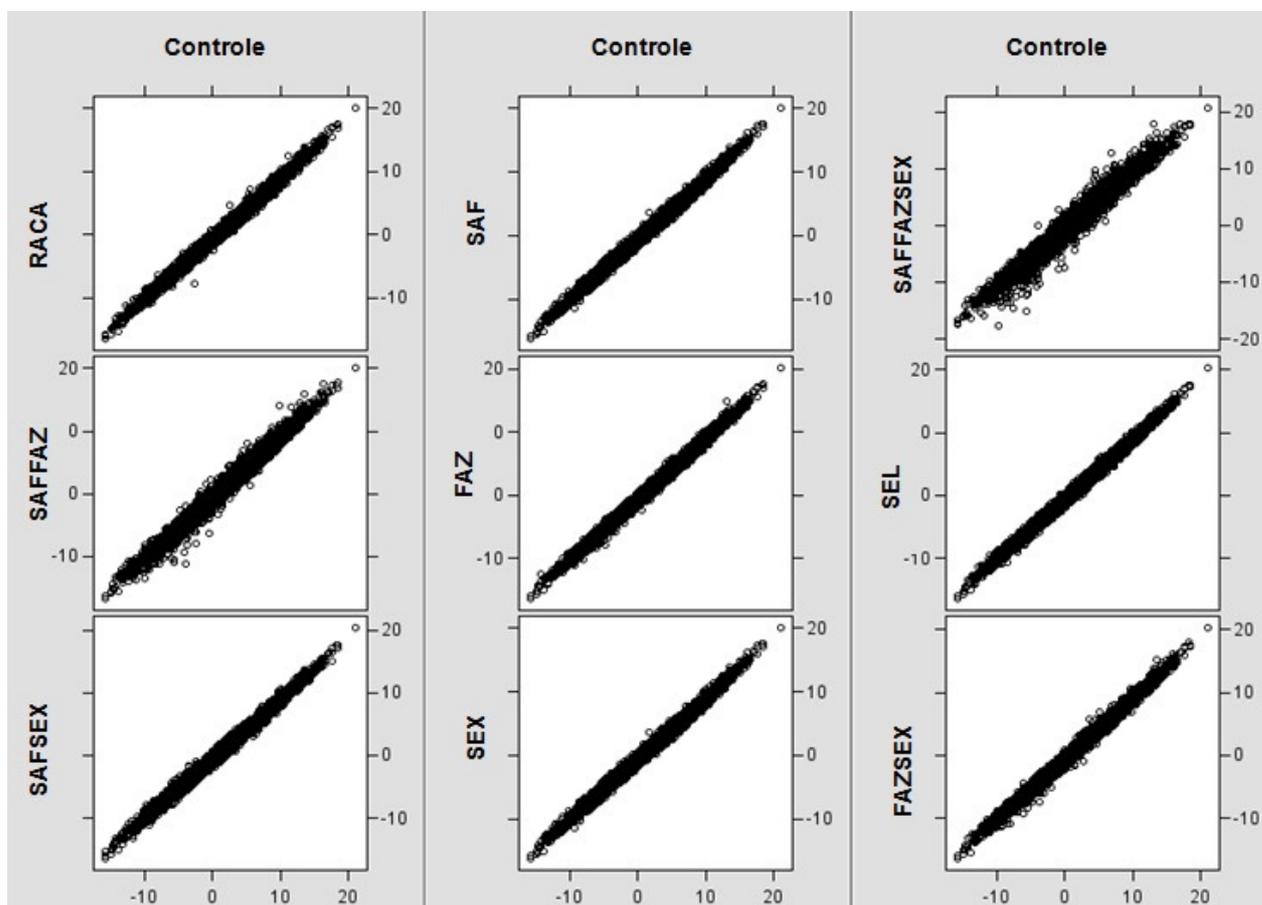


Figura 16 - Relação entre os valores genéticos obtidos para ganho de peso pós-desmame na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 10% dos indivíduos com genealogia desconhecida

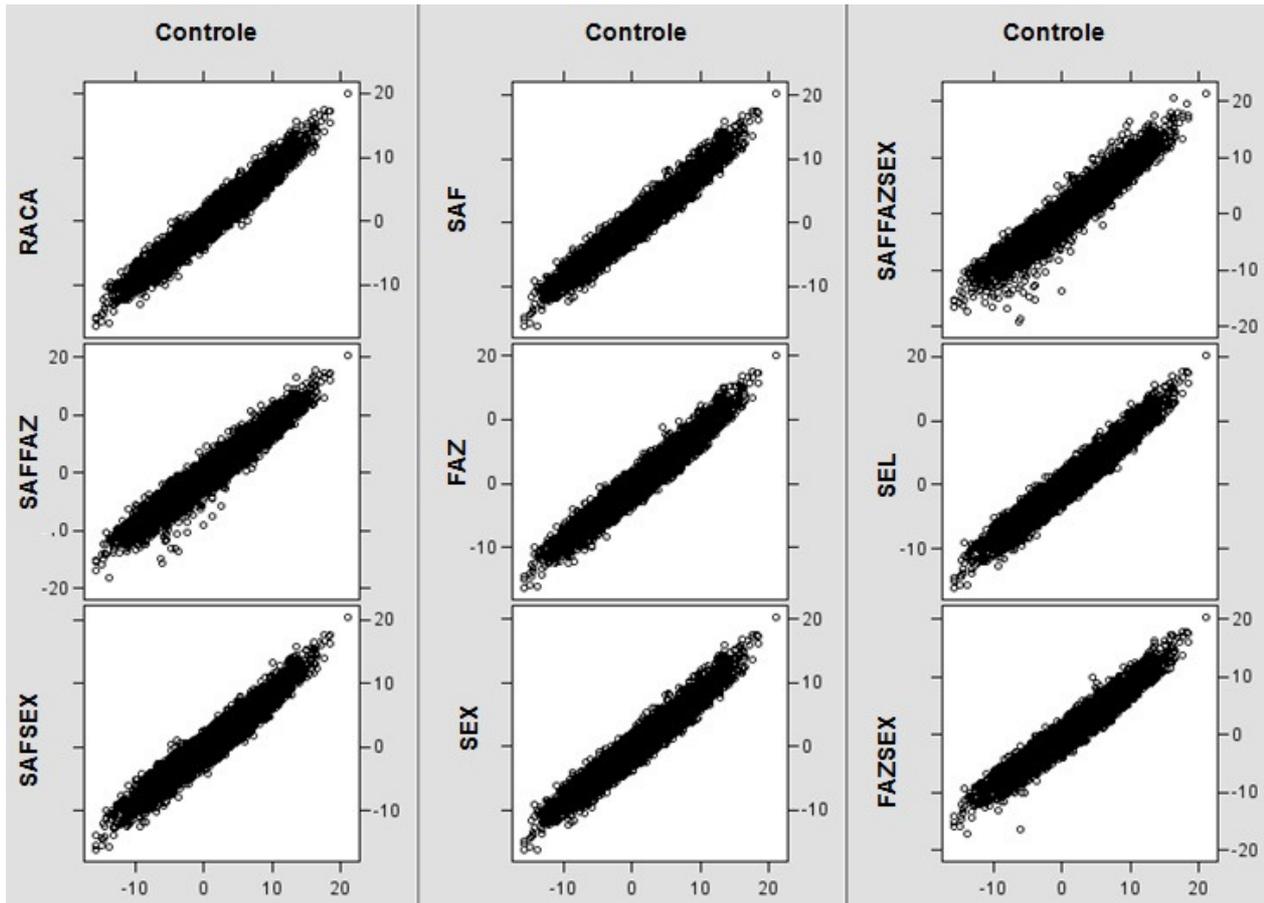


Figura 17 - Relação entre os valores genéticos obtidos para ganho de peso pós-desmame na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 30% dos indivíduos com genealogia desconhecida

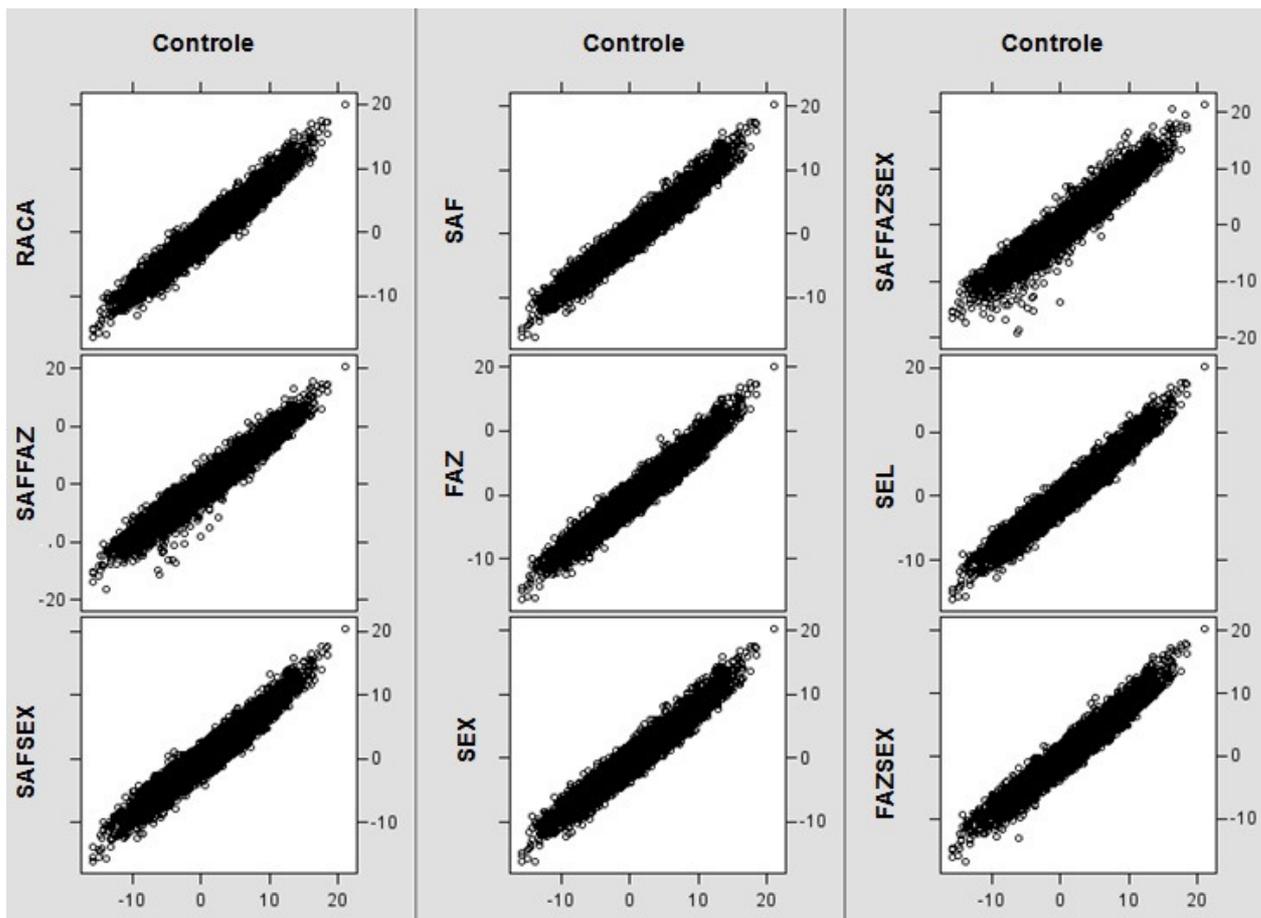


Figura 18 - Relação entre os valores genéticos obtidos para ganho de peso pós-desmame na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 50% dos indivíduos com genealogia desconhecida

O dendrograma ilustra a similaridade entre as estratégias para a característica de ganho de peso pós-desmame (Figura 19). Entretanto, apesar das semelhanças, é possível distinguir claramente a formação de dois grupos, os quais separam as estratégias SAFFAZ e SAFFAZSEX das demais.

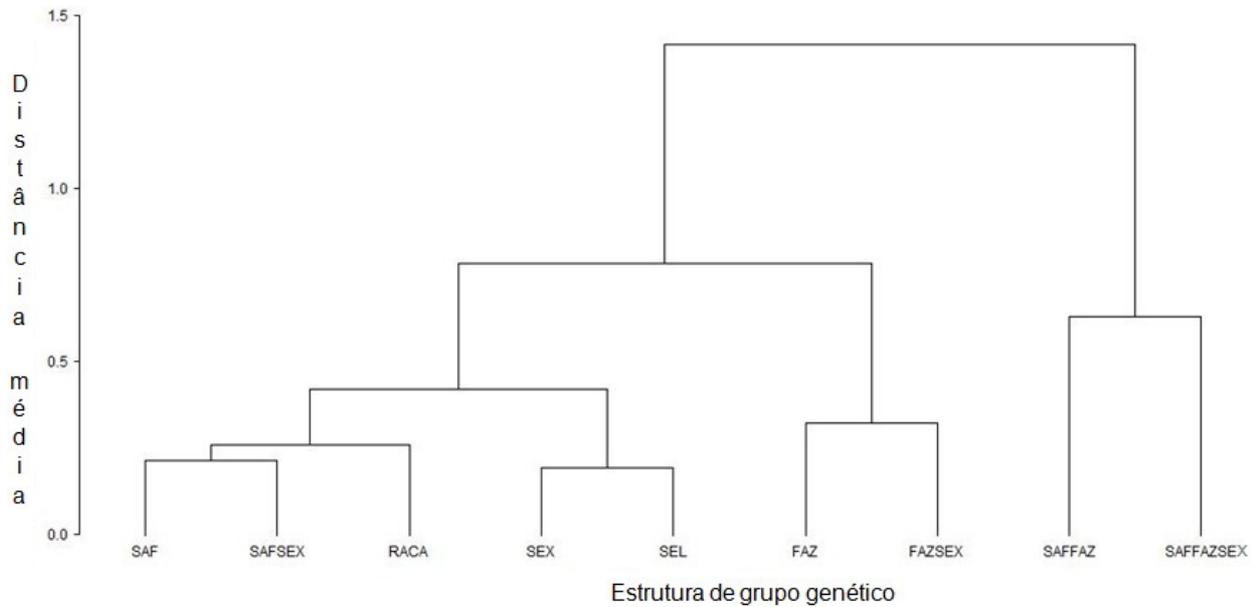


Figura 19 - Dendrograma da análise de agrupamento das estruturas de grupos genéticos na característica de ganho de peso pós-desmame

6.3.4 Circunferência escrotal

As estratégias SAFFAZ e SAFFAZSEX foram responsáveis pela formação do maior número de grupos havendo, contudo, um desbalanceamento entre eles, dada existência de vários grupos associados a apenas um indivíduo e grupos, em menor quantidade, compostos por mais de 100 pais “fantasmas” (Tabela 33).

Tabela 33 - Número de grupos genéticos (N), mínimo (MIN) e máximo (MAX) de pais “fantasmas” por grupo em cada estratégia de agrupamento genético* para circunferência escrotal considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) de animais sem algum registro de parentesco**

Estratégia de agrupamento	GG10			GG30			GG50		
	N	MIN	MAX	N	MIN	MAX	N	MIN	MAX
SAF	13	31	691	13	99	1.981	13	160	3.473
SEX	3	30	2.207	3	90	6.622	3	149	11.035
FAZ	39	2	408	39	16	1.194	39	22	1.890
FAZSEX	41	2	408	41	16	1.194	41	22	1.890
SAFFAZ	223	1	104	230	1	276	230	1	489
SAFSEX	30	1	413	32	1	1.172	31	1	1.465
SAFFAZSEX	231	1	104	240	1	276	239	1	472
RACA	15	1	1.377	14	8	4.044	15	2	6.830

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

**Estas informações não incluem o grupo genético atribuído aos animais-base. Estes dados foram obtidos da centésima análise de cada estratégia de agrupamento.

As médias de eficiência de seleção para circunferência escrotal foram maiores do que as estimadas para as características anteriores, sendo a média mínima de 87,1% atribuída à estratégia SAFFAZSEX para os 10% melhores animais considerando-se 50% de indivíduos com genealogia desconhecida (Tabelas 34 e 35). Este desempenho superior da metodologia de grupos genéticos possivelmente se deve a ausência de efeitos aleatórios genéticos maternos no modelo, cuja falha na estimação pode influenciar a predição dos valores genéticos; ao coeficiente de herdabilidade mediano, sendo, portanto, a estimação dos valores genéticos menos dependente das informações oriundas da genealogia; e à presença exclusiva de

machos, visto que estes possuem um número maior de progênies do que as fêmeas e dessa forma, melhoram a estimação e acurácia dos valores genéticos.

Observa-se ainda que para as características com um montante menor de dados, como ganho de peso pós-desmame e circunferência escrotal, as estratégias vinculadas à formação de poucos grupos (SEL e SEX) apresentaram resultados melhores do que para peso ao nascimento e peso ao desmame. Apesar das proporções de animais com parentesco desconhecido ser igual para as características, quando o número de mensurações analisadas é menor, há também menos animais vinculados a estes grupos genéticos, o que propicia uma melhor estimação dos efeitos dos mesmos. Segundo Casellas, Piedrafita e Varona (2007), um dos principais pontos na definição de critérios para a formação de grupos é o equilíbrio teórico entre a complexidade do modelo e a necessidade em se contabilizar as diferenças genéticas entre os grupos.

O uso das estratégias SAFFAZ e SAFFAZSEX resultou em eficiências de seleção menores e conseqüentemente em perdas de seleção maiores em relação às demais estratégias de agrupamento. Este comportamento, verificado para as características anteriores, ratifica a sugestão de Quaas (1988) de se evitar critérios de agrupamento que ocasionem na formação de um número excessivo de grupos genéticos. Entretanto, apesar do autor associar este efeito a um provável confundimento com outros efeitos fixos e a uma redução nas diferenças genéticas entre os grupos; ainda não foram desenvolvidos estudos que suportem estas hipóteses.

Os resultados envolvendo somente indivíduos da última safra são igualmente elevados, com médias variando entre 85,8% para os 10% melhores animais e 50% de genealogia desconhecida, a 98,8% para os 50% melhores animais e apenas 10% de indivíduos sem genealogia (Tabela 35).

Tabela 34 - Média (M), desvio-padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais para circunferência escrotal, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos com genealogia desconhecida

Estratégia*	GG10				GG30				GG50			
	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX
<i>10% melhores animais</i>												
SAF	98,3	0,22	97,6	98,8	95,0	0,32	94,1	95,6	91,5	0,42	90,4	92,3
SEX	98,4	0,16	97,9	98,9	95,2	0,14	94,3	95,6	91,6	0,37	90,5	92,6
FAZ	98,0	0,24	97,2	98,5	94,6	0,34	93,8	95,5	90,9	0,46	89,8	91,9
FAZSEX	98,0	0,24	97,1	98,5	94,6	0,34	93,7	95,4	90,9	0,52	88,7	91,9
SAFFAZ	96,1	0,37	95,2	96,9	91,9	0,59	90,1	93,2	87,2	0,84	84,6	89,5
SAFSEX	98,1	0,24	97,6	98,8	94,8	0,38	93,3	95,6	91,2	0,48	89,7	92,1
SAFFAZSEX	96,1	0,40	94,3	96,9	91,8	0,63	89,5	93,1	87,1	0,84	84,5	89,4
RACA	98,4	0,16	97,9	98,8	95,2	0,26	94,6	95,7	92,0	0,32	90,9	92,8
<i>20% melhores animais</i>												
SAF	98,3	0,17	97,8	98,6	95,0	0,25	94,3	95,6	91,7	0,29	90,9	92,3
SEX	98,4	0,13	98,0	98,7	95,2	0,20	94,8	95,7	91,9	0,24	91,2	92,5
FAZ	98,1	0,18	97,7	98,5	94,8	0,27	93,9	95,3	91,3	0,37	90,2	91,9
FAZSEX	98,1	0,18	97,7	98,4	94,8	0,28	93,9	95,3	90,9	0,52	88,7	91,9
SAFFAZ	97,1	0,22	96,5	97,5	93,0	0,37	91,9	93,7	88,6	0,62	84,6	87,2
SAFSEX	98,2	0,17	97,7	98,5	94,9	0,28	94,2	95,5	91,6	0,33	90,6	92,2
SAFFAZSEX	97,1	0,23	96,3	97,5	93,0	0,38	91,9	93,6	88,6	0,62	86,9	90,0
RACA	98,5	0,11	98,1	98,7	95,3	0,19	94,8	95,8	92,2	0,24	91,3	92,7
<i>50% melhores animais</i>												
SAF	98,6	0,10	98,3	98,8	95,9	0,16	95,4	96,3	93,1	0,19	92,7	93,6
SEX	98,6	0,08	98,4	98,8	95,8	0,14	95,4	96,2	93,1	0,18	92,5	93,6
FAZ	98,4	0,11	98,1	98,6	95,5	0,17	94,9	95,9	92,5	0,26	91,9	93,2
FAZSEX	98,4	0,11	98,1	98,6	95,5	0,17	94,9	95,9	91,2	0,40	90,0	91,9
SAFFAZ	97,9	0,13	97,6	98,3	94,6	0,22	94,0	95,2	91,0	0,38	90,0	91,9
SAFSEX	98,5	0,10	98,2	98,7	95,8	0,20	95,2	96,2	93,0	0,23	92,2	93,5
SAFFAZSEX	97,9	0,14	97,6	98,2	94,6	0,22	94,0	95,2	90,9	0,37	89,9	91,9
RACA	98,6	0,08	98,5	98,8	96,0	0,12	95,6	96,3	93,4	0,17	92,7	93,8

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 35 - Média (M), desvio-padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais da última safra para circunferência escrotal, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos com genealogia desconhecida

Estratégia*	GG10				GG30				GG50			
	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX
<i>10% melhores animais</i>												
SAF	98,0	0,92	93,7	99,5	94,2	1,32	89,1	96,5	90,5	1,43	86,3	93,5
SEX	98,3	0,57	96,7	99,4	94,9	0,90	92,1	96,7	91,2	1,05	88,7	93,6
FAZ	97,9	0,74	96,0	99,3	94,7	1,09	91,5	97,0	91,1	1,40	88,1	93,9
FAZSEX	97,9	0,73	96,3	99,2	94,6	1,12	91,4	97,0	91,1	1,35	88,1	93,8
SAFFAZ	95,1	1,87	88,9	98,2	90,9	2,31	82,7	95,1	85,8	2,78	78,8	92,1
SAFSEX	97,9	0,89	94,9	99,4	94,5	1,23	90,4	96,7	90,8	1,39	86,3	93,5
SAFFAZSEX	95,1	1,87	88,9	98,6	90,8	2,57	79,5	94,9	85,8	2,78	78,8	85,8
RACA	98,2	0,61	96,3	99,5	94,8	0,93	91,6	96,5	91,2	1,06	88,5	93,8
<i>20% melhores animais</i>												
SAF	98,4	0,59	96,4	99,3	95,5	0,89	92,7	97,2	92,9	0,79	90,8	94,5
SEX	98,7	0,35	97,4	99,4	96,2	0,59	94,8	97,8	93,8	0,64	92,4	95,3
FAZ	98,2	0,53	96,9	99,1	95,5	0,77	92,6	97,6	92,8	1,00	90,4	95,1
FAZSEX	98,2	0,54	96,8	99,1	95,5	0,77	92,8	97,5	92,8	1,04	90,2	95,0
SAFFAZ	96,8	1,04	94,2	98,9	92,9	1,48	88,8	95,6	88,8	1,81	84,9	92,5
SAFSEX	98,2	0,74	95,4	99,4	95,7	0,90	92,9	97,9	93,3	1,18	88,9	95,2
SAFFAZSEX	96,8	1,04	94,2	98,8	92,8	1,59	87,3	95,7	88,8	1,79	84,6	92,6
RACA	98,6	0,39	97,4	99,4	96,1	0,62	94,1	97,3	93,6	0,68	91,8	95,1
<i>50% melhores animais</i>												
SAF	98,6	0,36	97,5	99,3	96,2	0,54	95,0	97,4	94,1	0,59	92,6	95,6
SEX	98,8	0,25	98,3	99,5	96,6	0,45	95,4	97,6	94,5	0,46	93,2	95,5
FAZ	98,7	0,31	97,8	99,4	96,3	0,59	94,8	97,4	94,1	0,71	91,8	95,3
FAZSEX	98,7	0,31	97,8	99,4	96,3	0,60	94,6	97,4	94,0	0,72	91,7	95,5
SAFFAZ	98,1	0,42	96,9	99,1	95,3	0,89	92,9	97,1	92,0	1,21	89,0	94,1
SAFSEX	98,6	0,41	97,3	99,3	96,3	0,54	94,7	97,3	94,2	0,70	92,1	95,7
SAFFAZSEX	98,1	0,42	96,9	99,1	95,2	0,91	92,9	97,1	91,9	1,20	88,7	94,0
RACA	98,8	0,27	98,2	99,5	96,5	0,45	95,3	97,5	94,4	0,46	93,4	95,8

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

As correlações entre os valores genéticos e a ordem dos animais foram altas, variando de 0,84 a 0,98 nas análises envolvendo todos os indivíduos (Tabelas 36 e 37) e 0,82 a 0,98 nas análises envolvendo apenas os animais da última safra (Tabelas 38 e 39), de acordo com a estratégia de agrupamento e a proporção de animais vinculados a um grupo genético. As elevadas correlações de Pearson indicam que o emprego dos grupos genéticos foi hábil na obtenção de valores

genéticos próximos aos estimados com o uso de uma matriz de relacionamentos completa na avaliação genética.

Tabela 36 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para circunferência escrotal, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) dos animais com genealogia desconhecida

Estratégia*	Cenário	Correlação de Pearson			
		M	DP	MIN	MAX
SAF	GG10	0,98	0,001	0,97	0,98
	GG30	0,93	0,002	0,93	0,94
	GG50	0,89	0,003	0,88	0,89
SEX	GG10	0,98	0,001	0,98	0,98
	GG30	0,93	0,002	0,93	0,94
	GG50	0,89	0,003	0,88	0,90
FAZ	GG10	0,97	0,002	0,97	0,98
	GG30	0,93	0,003	0,92	0,93
	GG50	0,88	0,004	0,87	0,89
FAZSEX	GG10	0,97	0,002	0,97	0,98
	GG30	0,93	0,003	0,92	0,93
	GG50	0,88	0,005	0,86	0,89
SAFFAZ	GG10	0,95	0,003	0,94	0,96
	GG30	0,90	0,004	0,89	0,91
	GG50	0,84	0,007	0,82	0,86
SAFSEX	GG10	0,97	0,002	0,97	0,98
	GG30	0,93	0,003	0,92	0,94
	GG50	0,89	0,004	0,87	0,89
SAFFAZSEX	GG10	0,95	0,004	0,93	0,96
	GG30	0,90	0,005	0,87	0,91
	GG50	0,84	0,007	0,82	0,85
RACA	GG10	0,98	0,001	0,98	0,98
	GG30	0,94	0,002	0,93	0,94
	GG50	0,89	0,002	0,89	0,90

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 37 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Spearman entre a classificação dos animais de acordo com valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para circunferência escrotal, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) com genealogia desconhecida

Estratégia*	Cenário	Correlação de Spearman			
		M	DP	MIN	MAX
SAF	GG10	0,98	0,001	0,97	0,98
	GG30	0,93	0,003	0,92	0,94
	GG50	0,88	0,003	0,87	0,89
SEX	GG10	0,98	0,001	0,97	0,98
	GG30	0,93	0,002	0,92	0,93
	GG50	0,88	0,003	0,88	0,89
FAZ	GG10	0,97	0,002	0,97	0,98
	GG30	0,92	0,003	0,92	0,93
	GG50	0,87	0,004	0,86	0,88
FAZSEX	GG10	0,97	0,002	0,97	0,98
	GG30	0,92	0,003	0,92	0,93
	GG50	0,87	0,005	0,85	0,88
SAFFAZ	GG10	0,96	0,002	0,95	0,97
	GG30	0,90	0,004	0,89	0,91
	GG50	0,84	0,006	0,83	0,86
SAFSEX	GG10	0,97	0,002	0,97	0,98
	GG30	0,93	0,003	0,92	0,94
	GG50	0,88	0,004	0,87	0,89
SAFFAZSEX	GG10	0,96	0,002	0,95	0,97
	GG30	0,90	0,004	0,89	0,91
	GG50	0,84	0,006	0,83	0,85
RACA	GG10	0,98	0,001	0,97	0,98
	GG30	0,93	0,002	0,93	0,94
	GG50	0,89	0,002	0,88	0,89

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 38 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos para indivíduos da última safra na análise genética sem e com grupos genéticos para circunferência escrotal, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) dos animais com genealogia desconhecida

Estratégia*	Cenário	Correlação de Pearson			
		M	DP	MIN	MAX
SAF	GG10	0,97	0,006	0,95	0,98
	GG30	0,93	0,008	0,91	0,94
	GG50	0,88	0,008	0,86	0,90
SEX	GG10	0,98	0,003	0,97	0,98
	GG30	0,93	0,006	0,92	0,95
	GG50	0,89	0,006	0,87	0,90
FAZ	GG10	0,97	0,006	0,96	0,98
	GG30	0,93	0,009	0,90	0,95
	GG50	0,88	0,014	0,82	0,90
FAZSEX	GG10	0,97	0,006	0,96	0,98
	GG30	0,93	0,010	0,90	0,95
	GG50	0,88	0,014	0,82	0,90
SAFFAZ	GG10	0,93	0,016	0,89	0,97
	GG30	0,88	0,021	0,83	0,93
	GG50	0,82	0,025	0,76	0,87
SAFSEX	GG10	0,97	0,002	0,97	0,98
	GG30	0,93	0,009	0,90	0,94
	GG50	0,88	0,013	0,83	0,90
SAFFAZSEX	GG10	0,93	0,016	0,89	0,97
	GG30	0,88	0,022	0,80	0,93
	GG50	0,82	0,025	0,76	0,87
RACA	GG10	0,98	0,003	0,97	0,98
	GG30	0,93	0,006	0,91	0,95
	GG50	0,89	0,007	0,87	0,90

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 39 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Spearman entre a classificação dos animais da última safra de acordo com valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para circunferência escrotal, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% dos animais com genealogia desconhecida

Estratégia	Cenário	Correlação de Spearman			
		M	DP	MIN	MAX
SAF	GG10	0,97	0,006	0,95	0,98
	GG30	0,92	0,009	0,90	0,94
	GG50	0,88	0,008	0,85	0,89
SEX	GG10	0,98	0,003	0,97	0,98
	GG30	0,93	0,006	0,91	0,94
	GG50	0,89	0,006	0,87	0,90
FAZ	GG10	0,97	0,005	0,95	0,98
	GG30	0,92	0,010	0,90	0,94
	GG50	0,88	0,014	0,82	0,90
FAZSEX	GG10	0,97	0,005	0,95	0,98
	GG30	0,92	0,010	0,90	0,94
	GG50	0,87	0,014	0,82	0,90
SAFFAZ	GG10	0,95	0,009	0,93	0,97
	GG30	0,89	0,019	0,84	0,92
	GG50	0,82	0,025	0,75	0,87
SAFSEX	GG10	0,97	0,007	0,95	0,98
	GG30	0,92	0,010	0,90	0,94
	GG50	0,88	0,013	0,83	0,90
SAFFAZSEX	GG10	0,95	0,009	0,93	0,97
	GG30	0,89	0,020	0,83	0,92
	GG50	0,82	0,025	0,75	0,87
RACA	GG10	0,98	0,004	0,97	0,98
	GG30	0,93	0,007	0,91	0,95
	GG50	0,88	0,007	0,86	0,90

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Igualmente ao observado nas demais características, houve um aumento na dispersão dos pontos com o aumento da proporção de parentesco desconhecido na população (Figuras 20 a 22). Contudo, não foram visíveis divergências na distribuição dos pontos de acordo com a estratégia estudada, ilustrando as baixas diferenças das estimativas de eficiência e correlação entre as estratégias de agrupamento.

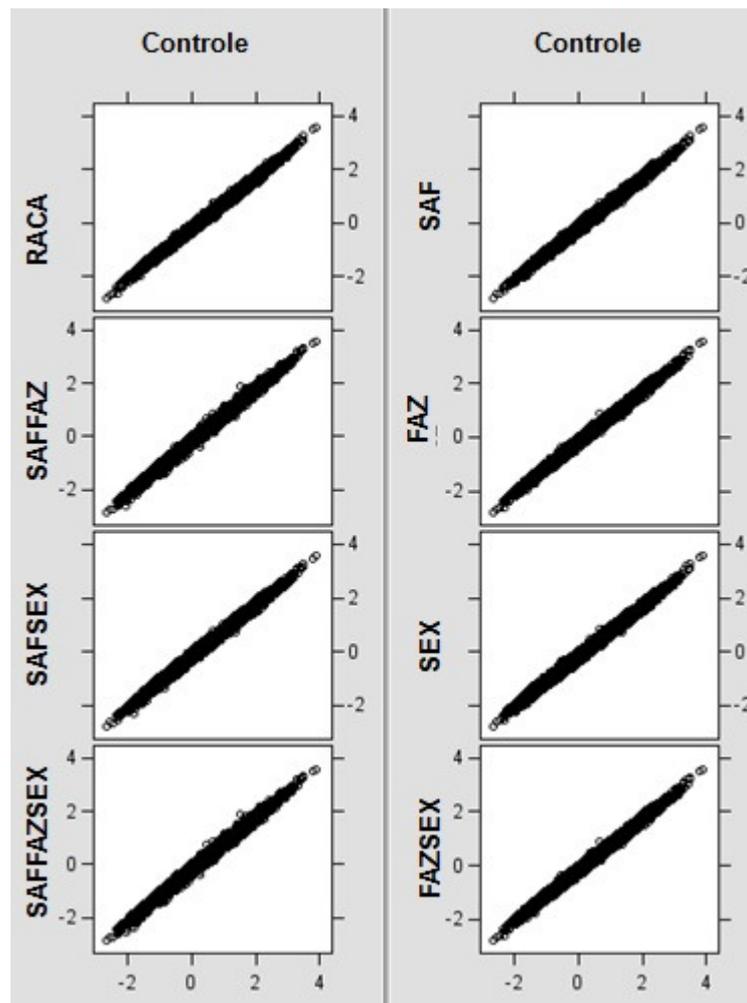


Figura 20 - Relação entre os valores genéticos obtidos para circunferência escrotal na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 10% dos indivíduos com genealogia desconhecida

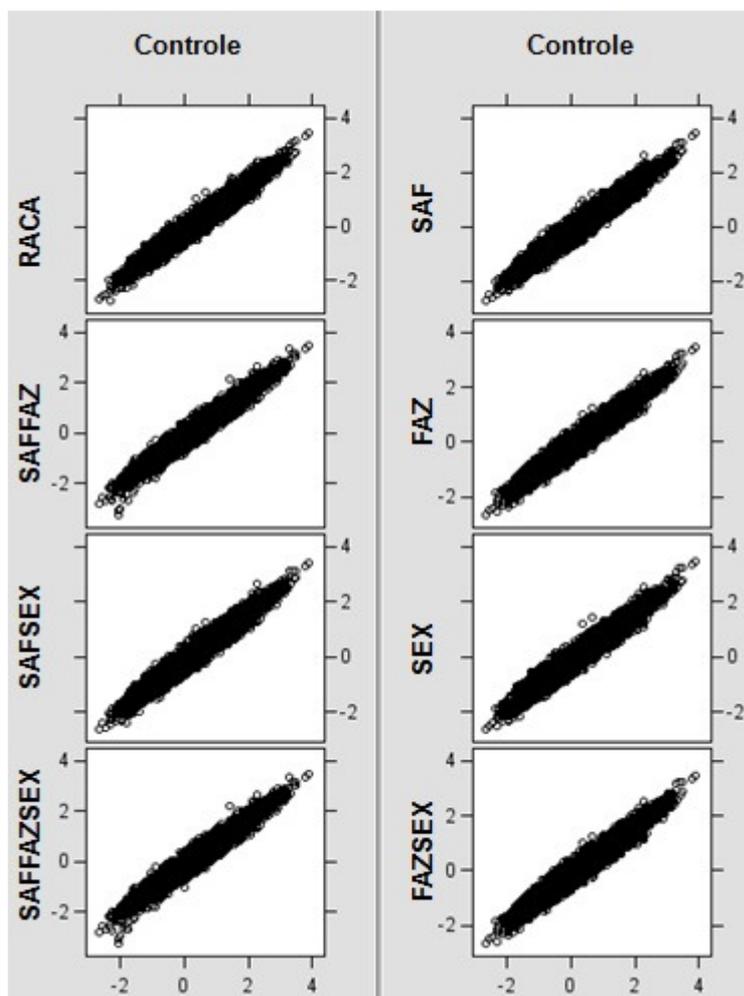


Figura 21 - Relação entre os valores genéticos obtidos para circunferência escrotal na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 30% dos indivíduos com genealogia desconhecida

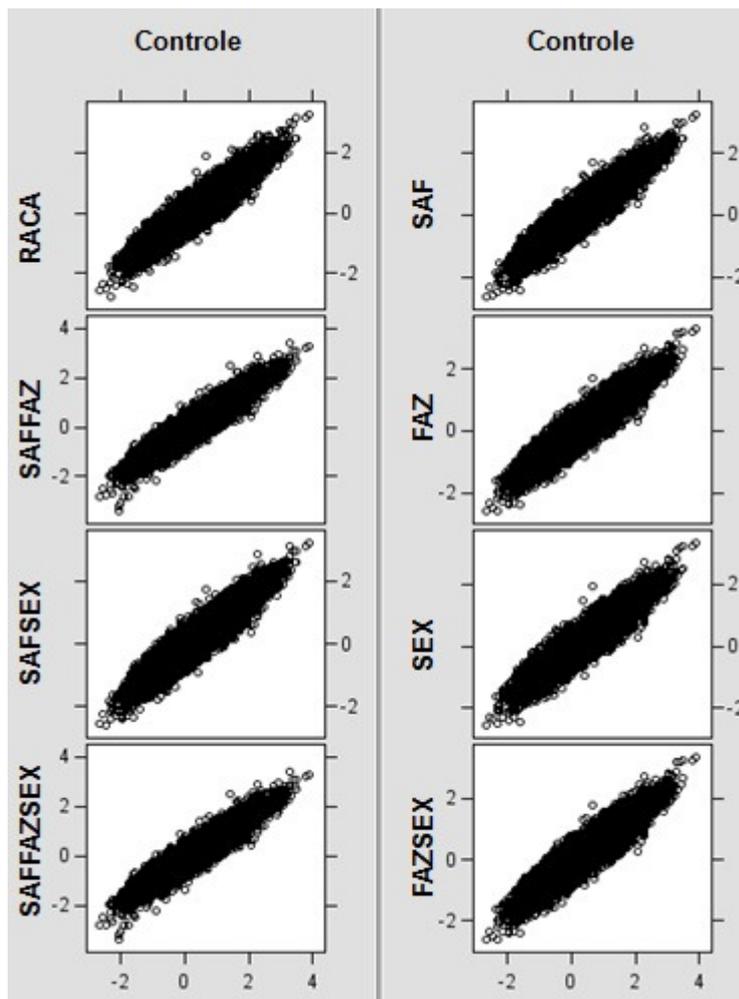


Figura 22 - Relação entre os valores genéticos obtidos para circunferência escrotal na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 50% dos indivíduos com genealogia desconhecida

O desempenho das estratégias de agrupamento para circunferência escrotal diferenciou-se de acordo com o número de grupos genéticos formados. Em um aglomerado têm-se as estratégias associadas a poucos grupos (SAF, SEX e RACA); em um segundo aglomerado, unem-se as estratégias com um número intermediário de grupos (FAZ, SAFSEX e FAZSEX) e em um terceiro aglomerado, tem-se as estratégias vinculadas à formação de muitos grupos (SAFFAZ e SAFFAZSEX) (Figura 23). Contudo, observa-se um maior distanciamento entre SAFFAZ e SAFFAZSEX e as demais estratégias, indicando que os resultados referentes a estas diferem de maneira expressiva daqueles estimados para as outras estratégias avaliadas.

Dado que nesta característica o montante de indivíduos associados a um determinado grupo genético é menor, era natural um favorecimento de estratégias relacionadas a poucos grupos genéticos, de maneira que estes alocassem um número apropriado de pais “fantasmas” para a estimação dos efeitos de grupos genéticos e contabilização das diferenças genéticas presentes na população.

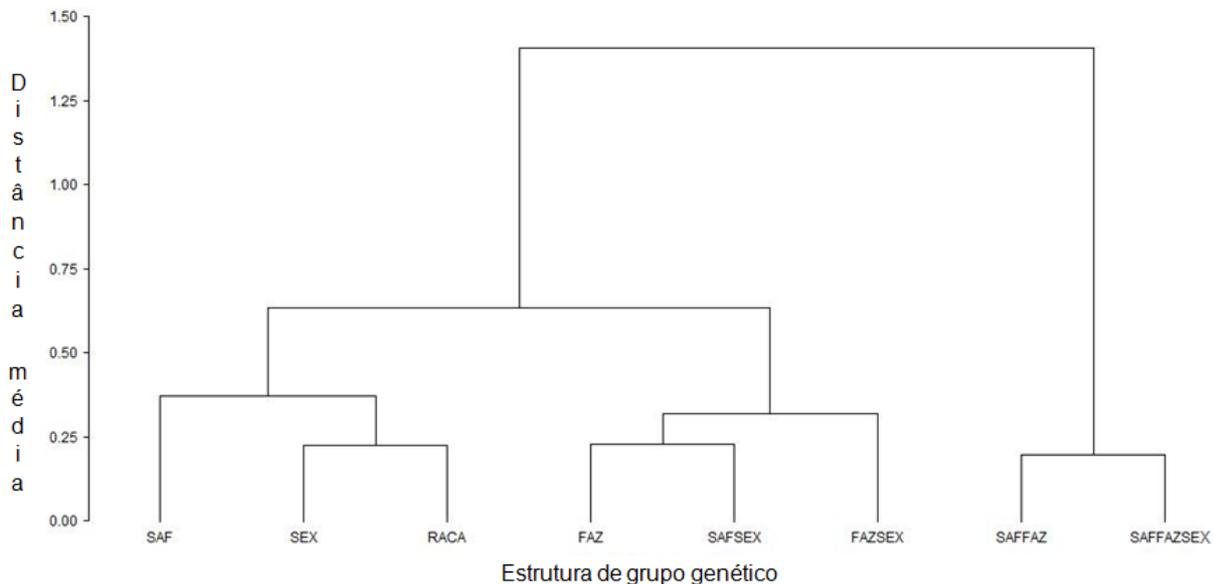


Figura 23 - Dendrograma da análise de agrupamento das estruturas de grupos genéticos na característica de circunferência escrotal

6.3.5 Escore de musculosidade

Os resultados obtidos para o escore de musculosidade foram similares aos estimados para circunferência escrotal, apesar do maior volume de dados e menor coeficiente de herdabilidade associados. O número de grupos por estratégia de agrupamento também foi semelhante, tendo-se as estratégias com o número fixo de grupos, como SAF, SEL, SEX e RACA e as estratégias cujo número de grupos depende dos animais com ascendência desconhecida. Novamente, as estratégias com maior número de pais “fantasmas” alocados por grupo foram SEX e SEL, e com menor número de animais por grupo foram SAFFAZ e SAFFAZSEX (Tabela 40).

Tabela 40 – Número de grupos genéticos (N), mínimo (MIN) e máximo (MAX) de pais “fantasmas” por grupo em cada estratégia de agrupamento genético* para o escore de musculosidade considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) de animais com genealogia desconhecida**

Estratégia de agrupamento	GG10			GG30			GG50		
	N	MIN	MAX	N	MIN	MAX	N	MIN	MAX
SAF	13	141	1.450	13	490	4.489	13	773	7.425
SEX	3	70	5.202	3	211	15.607	3	352	26.012
FAZ	42	4	881	42	5	2.710	42	12	4.440
SEL	6	27	2.938	6	91	8.969	6	147	14.954
FAZSEX	110	1	544	116	1	1.574	121	1	2.617
SAFFAZ	235	1	165	239	1	423	242	2	806
SAFSEX	39	2	869	39	5	2.732	39	10	4.417
SAFFAZSEX	514	1	102	588	1	271	632	1	443
RACA	15	1	2.801	15	12	7.940	15	15	13.433

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

**Estas informações não incluem o grupo genético atribuído aos animais-base. Estes dados foram obtidos da centésima análise de cada estratégia de agrupamento.

As eficiências de seleção foram altas, com pequenas alterações entre as intensidades de seleção consideradas (Tabela 41). As médias variaram entre 95,3 a 98,3; 90,3 a 95,2; e 85,3 a 91,8 para 10, 30 e 50% de animais com ascendência desconhecida.

As estratégias apresentaram resultados similares, inclusive para as análises envolvendo apenas os animais da última safra, observando-se uma pequena redução nas médias estimadas para SAFFAZSEX comparativamente às demais (Tabelas 41 e 42). Por sua vez, SAFFAZ acarretou em eficiências e perdas de seleção próximas das demais estratégias estudadas. Contudo, os desvios-padrão para 50% de perda de informação de parentesco foram altos nesta estratégia de agrupamento perante os calculados para as restantes, com valores entre 1,1 a 1,31%; indicando uma instabilidade na eficácia da avaliação genética conforme o grupo de animais com genealogia desconhecida.

A estratégia de agrupamento baseada na composição racial (RACA) também apresentou desvios-padrão elevados nas análises considerando 10% de genealogia desconhecida, com valores entre 2,79 a 3,17%. Este resultado, observado para a estratégia somente nesta característica, deve-se ao sorteio de apenas um animal do grupo genotípico 12XXX em uma das cem análises realizadas para a predição de valores genéticos; grupo genotípico o qual possui apenas 36 animais mensurados para o escore de musculabilidade (Tabela 8). Dado que na presença deste grupo houve uma queda na eficiência de seleção associada à estratégia, e sendo esta uma situação isolada dentro da análise, as médias não foram alteradas, havendo somente um incremento no desvio-padrão.

As correlações foram altas, com valores superiores a 0,7 para os três cenários de perda de parentesco estudados. As menores correlações, tanto entre os valores genéticos quanto entre a classificação dos animais, foram estimadas para as estratégias SAFFAZ e SAFFAZSEX, confirmando os resultados obtidos para a eficiência de seleção (Tabelas 43 a 46).

Tabela 41 - Média (M), desvio-padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais para o escore de musculabilidade, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos com genealogia desconhecida

Estratégia*	GG10				GG30				GG50			
	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX
<i>10% melhores animais</i>												
SAF	98,0	0,14	97,7	98,3	94,2	0,19	93,8	94,6	90,0	0,31	89,0	90,7
SEX	97,9	0,13	97,6	98,2	93,5	0,63	87,7	94,2	88,7	0,33	88,0	89,5
FAZ	97,5	0,22	97,0	98,0	92,9	0,38	92,0	93,7	88,1	0,44	87,2	89,2
SEL	97,9	0,14	97,4	98,2	93,5	0,25	92,9	94,0	88,7	0,33	87,8	89,5
FAZSEX	97,3	0,22	96,7	97,7	92,6	0,34	91,6	93,3	87,7	0,38	86,8	88,9
SAFFAZ	96,5	0,28	95,7	97,1	91,7	0,71	86,0	92,8	86,6	1,31	74,9	88,0
SAFSEX	97,9	0,17	97,3	98,3	94,3	0,22	93,7	94,7	90,3	0,30	89,7	91,3
SAFFAZSEX	95,3	0,33	94,4	95,9	90,3	0,50	88,6	91,3	85,3	0,69	83,7	87,0
RACA	97,4	3,04	75,0	98,2	93,4	0,27	92,6	94,0	88,5	0,41	87,1	89,4
<i>20% melhores animais</i>												
SAF	98,1	0,10	97,9	98,4	94,5	0,16	94,2	94,9	90,7	0,27	89,9	91,2
SEX	98,0	0,11	97,6	98,2	93,7	0,71	87,0	94,2	89,4	0,25	88,8	90,1
FAZ	97,7	0,17	97,2	98,0	93,3	0,30	92,6	93,9	88,8	0,34	88,1	89,7
SEL	98,0	0,12	97,6	98,2	93,7	0,22	93,1	94,1	89,4	0,27	88,7	90,0
FAZSEX	97,5	0,15	97,0	97,9	93,2	0,25	92,4	93,7	88,6	0,36	87,7	89,6
SAFFAZ	97,2	0,17	96,7	97,6	92,9	0,56	88,1	93,6	88,4	1,22	77,1	89,6
SAFSEX	98,1	0,11	97,7	98,3	94,6	0,15	94,2	94,9	91,0	0,23	90,5	91,5
SAFFAZSEX	96,6	0,20	96,0	97,0	92,1	0,32	91,2	92,8	87,7	0,45	86,6	88,7
RACA	97,5	3,17	73,7	98,3	93,7	0,24	93,0	94,3	89,3	0,31	88,2	90,2
<i>50% melhores animais</i>												
SAF	98,3	0,07	98,2	98,6	95,1	0,12	94,8	95,4	91,8	0,19	91,2	92,2
SEX	98,2	0,07	97,9	98,3	94,4	0,61	88,5	94,8	90,6	0,16	90,2	91,0
FAZ	98,0	0,11	97,8	98,3	94,1	0,20	93,6	94,5	90,3	0,24	89,7	90,9
SEL	98,2	0,08	97,9	98,3	94,4	0,16	93,9	94,8	90,6	0,18	90,1	91,0
FAZSEX	97,9	0,09	97,6	98,1	94,1	0,17	93,6	94,6	90,1	0,30	89,1	90,9
SAFFAZ	97,9	0,11	97,6	98,1	94,3	0,42	90,6	94,8	90,5	1,11	80,1	91,4
SAFSEX	98,3	0,08	98,1	98,5	95,2	0,11	94,9	95,5	92,1	0,18	91,6	92,5
SAFFAZSEX	97,6	0,11	97,4	97,8	93,9	0,19	93,5	94,6	90,2	0,29	89,6	90,8
RACA	97,8	2,79	78,0	98,3	94,4	0,16	93,9	94,8	90,6	0,22	90,1	91,2

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 42 - Média (M), desvio-padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais da última safra para o escore de musculosidade, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) e 50% (GG50) dos indivíduos com genealogia desconhecida

Estratégia*	GG10				GG30				GG50			
	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX
<i>10% melhores animais</i>												
SAF	98,1	0,72	94,0	99,4	94,4	0,89	90,5	96,0	89,9	1,38	85,1	92,5
SEX	98,2	0,40	97,1	99,2	94,3	0,88	91,1	96,1	90,0	0,95	87,6	92,1
FAZ	98,1	0,59	95,8	99,3	94,4	1,08	90,8	96,5	90,0	1,59	83,5	93,9
SEL	98,1	0,39	97,2	99,2	94,4	0,66	92,9	95,8	90,1	1,05	87,5	92,5
FAZSEX	97,9	0,74	94,8	99,1	94,1	1,31	87,2	96,7	89,3	1,83	82,3	93,6
SAFFAZ	96,5	1,14	93,1	98,5	92,1	2,23	79,3	96,1	86,9	3,03	77,0	91,6
SAFSEX	98,1	0,68	95,3	99,3	94,5	1,18	88,9	96,3	90,7	1,43	86,3	93,6
SAFFAZSEX	95,0	1,65	89,7	98,1	90,0	2,44	79,7	94,1	85,1	2,92	75,3	90,9
RACA	97,9	1,08	90,8	98,9	94,0	0,81	92,2	96,1	89,2	1,43	84,5	91,8
<i>20% melhores animais</i>												
SAF	98,0	0,54	95,2	98,9	94,5	0,58	92,1	95,7	90,7	0,93	88,2	92,6
SEX	97,9	0,33	97,0	98,7	94,3	0,67	91,2	95,5	90,6	0,66	89,3	92,2
FAZ	97,9	0,41	96,6	98,6	94,0	0,82	90,4	95,5	90,4	0,97	87,4	92,7
SEL	98,0	0,31	97,3	98,8	94,4	0,50	92,9	95,4	90,7	0,68	89,0	92,2
FAZSEX	97,8	0,48	96,4	98,6	93,9	0,90	90,4	95,9	89,8	1,23	84,8	92,2
SAFFAZ	97,2	0,59	95,3	98,2	93,0	1,27	86,1	95,5	88,5	1,90	81,4	91,9
SAFSEX	98,0	0,57	95,3	99,1	94,6	0,81	91,0	96,0	91,1	0,90	88,2	92,7
SAFFAZSEX	96,5	0,82	94,2	98,4	91,9	1,46	87,1	94,8	87,5	1,81	81,3	91,6
RACA	97,6	1,66	85,9	98,5	93,9	0,54	92,9	95,3	90,2	0,86	87,7	92,1
<i>50% melhores animais</i>												
SAF	98,6	0,23	98,0	99,1	96,0	0,36	95,1	96,9	93,4	0,47	91,7	94,2
SEX	98,3	0,24	97,6	98,8	95,4	0,46	92,7	96,3	92,9	0,45	91,5	94,1
FAZ	98,2	0,26	97,7	98,9	95,3	0,53	93,6	96,4	92,9	0,63	91,2	94,3
SEL	98,4	0,22	97,9	98,8	95,5	0,40	94,2	96,3	92,9	0,42	91,9	94,1
FAZSEX	98,2	0,26	97,6	98,7	95,2	0,54	94,0	96,9	92,6	0,68	91,0	94,0
SAFFAZ	98,2	0,28	97,3	98,8	95,1	0,76	90,4	96,5	92,2	1,10	86,5	94,1
SAFSEX	98,5	0,26	97,2	99,0	96,0	0,43	94,9	96,9	93,5	0,46	91,7	94,4
SAFFAZSEX	98,0	0,32	97,2	98,7	94,8	0,57	93,4	96,2	91,6	1,00	88,5	94,1
RACA	98,0	2,15	82,7	98,9	95,4	0,37	94,4	96,2	92,7	0,48	91,6	93,8

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 43 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para musculosidade, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) dos animais com genealogia desconhecida

Estratégia*	Cenário	Correlação de Pearson			
		M	DP	MIN	MAX
SAF	GG10	0,97	0,001	0,97	0,98
	GG30	0,92	0,002	0,91	0,92
	GG50	0,86	0,003	0,85	0,87
SEX	GG10	0,97	0,001	0,97	0,97
	GG30	0,91	0,009	0,83	0,91
	GG50	0,84	0,003	0,84	0,85
FAZ	GG10	0,97	0,002	0,96	0,97
	GG30	0,90	0,003	0,89	0,91
	GG50	0,83	0,004	0,82	0,84
SEL	GG10	0,97	0,001	0,97	0,97
	GG30	0,91	0,002	0,90	0,91
	GG50	0,84	0,003	0,84	0,85
FAZSEX	GG10	0,96	0,003	0,95	0,97
	GG30	0,90	0,004	0,89	0,90
	GG50	0,83	0,005	0,81	0,84
SAFFAZ	GG10	0,95	0,004	0,93	0,95
	GG30	0,89	0,008	0,82	0,90
	GG50	0,82	0,018	0,65	0,84
SAFSEX	GG10	0,97	0,001	0,96	0,97
	GG30	0,92	0,002	0,92	0,92
	GG50	0,87	0,003	0,86	0,87
SAFFAZSEX	GG10	0,92	0,004	0,91	0,93
	GG30	0,86	0,005	0,84	0,87
	GG50	0,79	0,007	0,77	0,81
RACA	GG10	0,96	0,043	0,65	0,97
	GG30	0,91	0,002	0,90	0,91
	GG50	0,84	0,004	0,83	0,85

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 44 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Spearman entre a classificação dos animais de acordo com valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para musculosidade, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) com genealogia desconhecida

Estratégia*	Cenário	Correlação de Spearman			
		M	DP	MIN	MAX
SAF	GG10	0,97	0,001	0,97	0,97
	GG30	0,91	0,002	0,91	0,92
	GG50	0,85	0,003	0,84	0,86
SEX	GG10	0,97	0,001	0,96	0,97
	GG30	0,90	0,009	0,81	0,91
	GG50	0,83	0,003	0,82	0,84
FAZ	GG10	0,96	0,002	0,96	0,97
	GG30	0,90	0,003	0,89	0,90
	GG50	0,82	0,004	0,81	0,83
SEL	GG10	0,97	0,001	0,96	0,97
	GG30	0,90	0,003	0,89	0,91
	GG50	0,83	0,003	0,82	0,84
FAZSEX	GG10	0,96	0,002	0,96	0,97
	GG30	0,89	0,003	0,88	0,90
	GG50	0,82	0,005	0,80	0,83
SAFFAZ	GG10	0,96	0,002	0,95	0,96
	GG30	0,89	0,008	0,83	0,90
	GG50	0,82	0,020	0,63	0,84
SAFSEX	GG10	0,97	0,001	0,97	0,97
	GG30	0,91	0,002	0,91	0,92
	GG50	0,86	0,003	0,85	0,86
SAFFAZSEX	GG10	0,95	0,002	0,94	0,95
	GG30	0,88	0,003	0,87	0,89
	GG50	0,81	0,005	0,80	0,82
RACA	GG10	0,96	0,046	0,63	0,97
	GG30	0,90	0,003	0,89	0,91
	GG50	0,83	0,004	0,82	0,84

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 45 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos obtidos para indivíduos da última safra na análise genética sem e com grupos genéticos para musculosidade, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% (GG50) dos animais com genealogia desconhecida

Estratégia*	Cenário	Correlação de Pearson			
		M	DP	MIN	MAX
SAF	GG10	0,97	0,005	0,95	0,98
	GG30	0,91	0,007	0,89	0,92
	GG50	0,84	0,010	0,81	0,86
SEX	GG10	0,96	0,004	0,95	0,97
	GG30	0,90	0,010	0,83	0,92
	GG50	0,83	0,007	0,81	0,86
FAZ	GG10	0,96	0,006	0,94	0,97
	GG30	0,89	0,013	0,84	0,91
	GG50	0,83	0,014	0,79	0,86
SEL	GG10	0,96	0,004	0,95	0,97
	GG30	0,90	0,006	0,88	0,91
	GG50	0,84	0,008	0,82	0,85
FAZSEX	GG10	0,95	0,010	0,91	0,97
	GG30	0,88	0,014	0,83	0,91
	GG50	0,82	0,017	0,76	0,85
SAFFAZ	GG10	0,93	0,019	0,88	0,96
	GG30	0,86	0,029	0,67	0,90
	GG50	0,77	0,032	0,67	0,83
SAFSEX	GG10	0,96	0,008	0,94	0,98
	GG30	0,91	0,010	0,88	0,92
	GG50	0,85	0,012	0,81	0,87
SAFFAZSEX	GG10	0,89	0,019	0,84	0,94
	GG30	0,82	0,023	0,74	0,87
	GG50	0,74	0,031	0,67	0,81
RACA	GG10	0,96	0,038	0,69	0,97
	GG30	0,89	0,007	0,87	0,91
	GG50	0,83	0,011	0,79	0,85

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

Tabela 46 - Média (M), desvio-padrão (DP), mínima (MIN) e máxima (MAX) das correlações de Spearman entre a classificação dos animais da última safra de acordo com valores genéticos obtidos na análise genética sem e com grupos genéticos para musculosidade, considerando 10 (GG10), 30 (GG30) ou 50% dos animais com genealogia desconhecida

Estratégia*	Cenário	Correlação de Spearman			
		M	DP	MIN	MAX
SAF	GG10	0,96	0,006	0,94	0,98
	GG30	0,90	0,007	0,88	0,91
	GG50	0,83	0,010	0,80	0,85
SEX	GG10	0,96	0,005	0,95	0,97
	GG30	0,89	0,011	0,81	0,90
	GG50	0,82	0,008	0,80	0,84
FAZ	GG10	0,96	0,005	0,94	0,97
	GG30	0,88	0,013	0,83	0,91
	GG50	0,82	0,015	0,77	0,84
SEL	GG10	0,96	0,004	0,95	0,97
	GG30	0,89	0,007	0,86	0,90
	GG50	0,82	0,008	0,80	0,85
FAZSEX	GG10	0,95	0,007	0,93	0,97
	GG30	0,88	0,013	0,84	0,91
	GG50	0,81	0,017	0,75	0,84
SAFFAZ	GG10	0,95	0,008	0,92	0,96
	GG30	0,87	0,020	0,73	0,90
	GG50	0,79	0,029	0,66	0,84
SAFSEX	GG10	0,96	0,007	0,93	0,97
	GG30	0,90	0,010	0,87	0,92
	GG50	0,84	0,011	0,79	0,86
SAFFAZSEX	GG10	0,94	0,010	0,91	0,95
	GG30	0,85	0,016	0,81	0,89
	GG50	0,77	0,027	0,69	0,84
RACA	GG10	0,95	0,050	0,60	0,97
	GG30	0,88	0,008	0,86	0,90
	GG50	0,81	0,011	0,78	0,84

*SAF: safra de nascimento do animal; SEX: sexo do parental desconhecido; FAZ: fazenda de nascimento do animal; FAZSEX: fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZ: safra e fazenda de nascimento do animal; SAFSEX: safra de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; SAFFAZSEX: safra e fazenda de nascimento do animal e sexo do parental desconhecido; RACA: composição racial.

As altas correlações entre os valores genéticos são ilustradas nas figuras de 24 a 26. Igualmente ao observado anteriormente, a dispersão dos pontos aumenta conforme a perda de informação de parentesco se acentua. Diferenças entre as estratégias foram evidentes quando a proporção de ausência de registro é menor, havendo maiores desvios da reta nas estratégias SAFFAZ e SAFFAZSEX, as quais também foram associadas à menor eficiência de seleção e correlações entre valores genéticos e classificação dos animais.

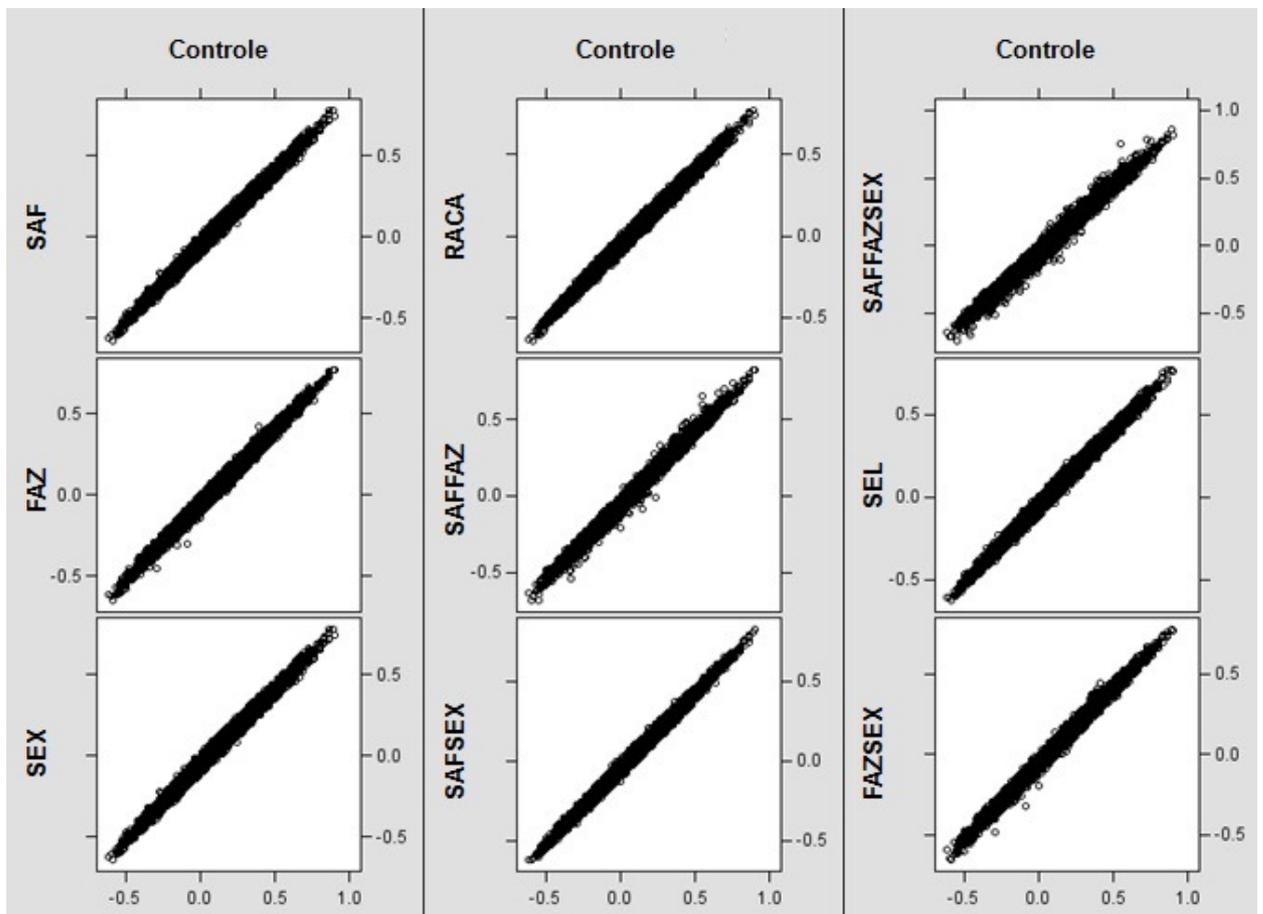


Figura 24 - Relação entre os valores genéticos obtidos para o escore de musculosidade na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 10% dos indivíduos com genealogia desconhecida

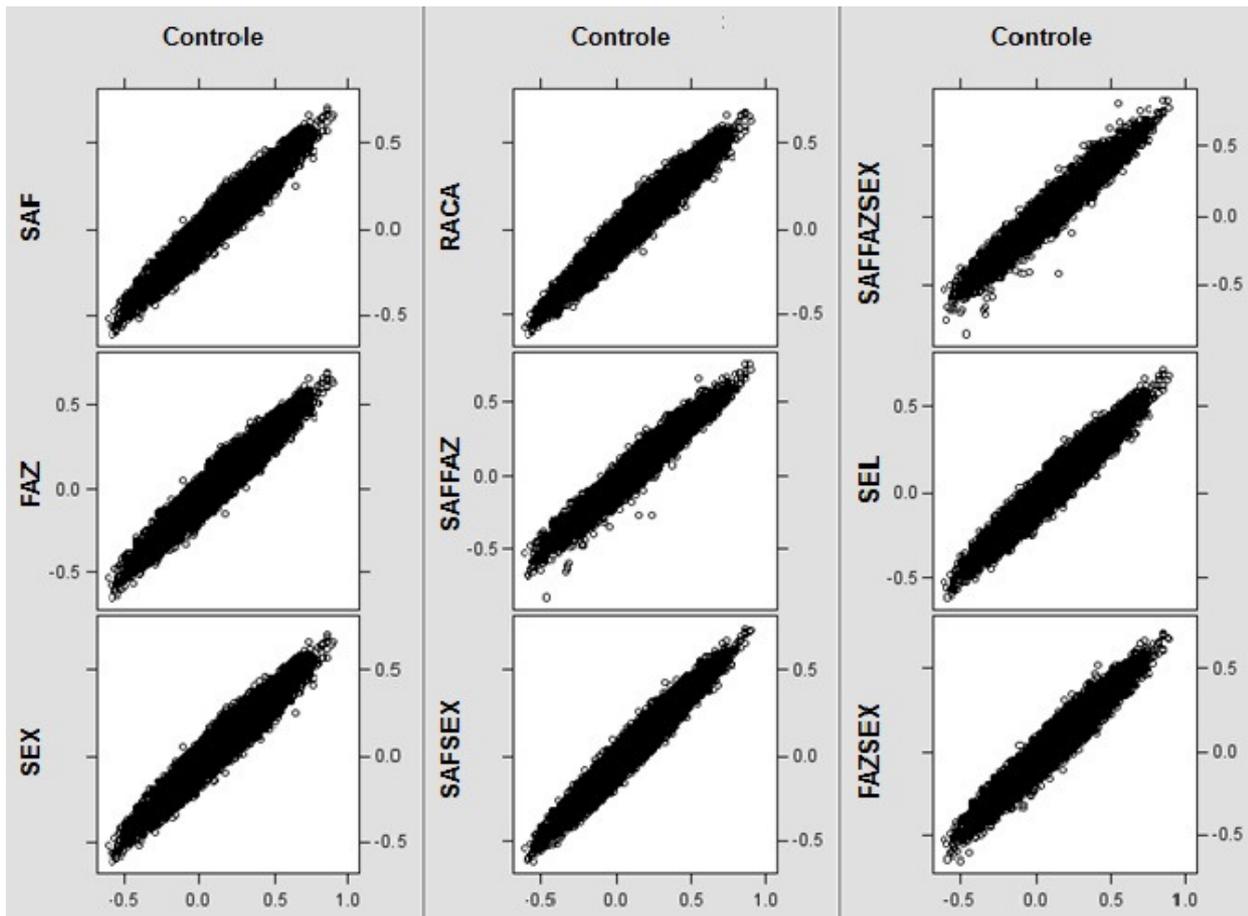


Figura 25 - Relação entre os valores genéticos obtidos para o escore de musculicidade na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 30% dos indivíduos com genealogia desconhecida

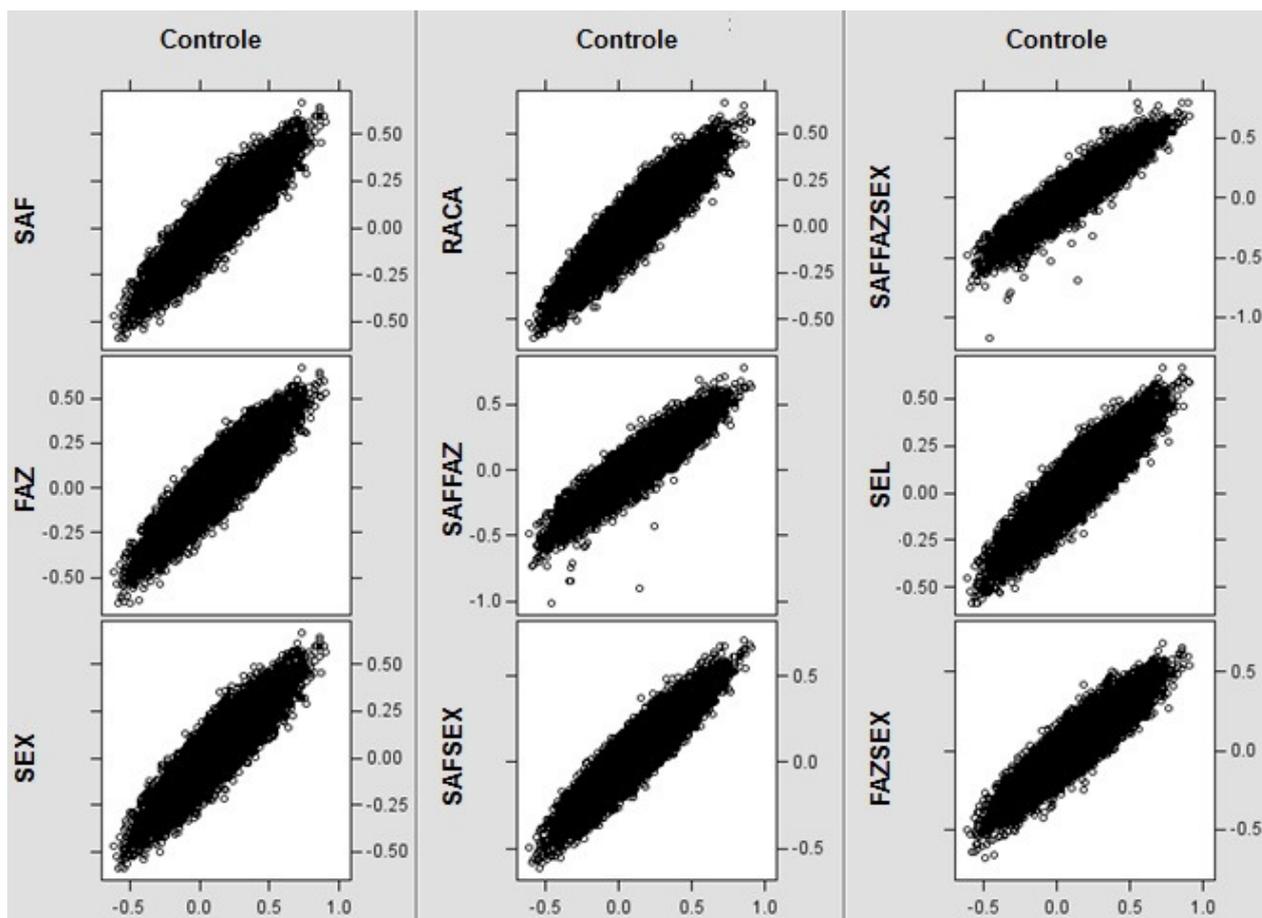


Figura 26 - Relação entre os valores genéticos obtidos para o escore de musculatura na análise genética sem (Controle) e com grupos genéticos, para cada estratégia de agrupamento, considerando 50% dos indivíduos com genealogia desconhecida

Devido à similaridade das médias, à exceção para SAFFAZ e SAFFAZSEX, a diferenciação entre as estratégias de agrupamento foi realizada com base nos desvios-padrão (Figura 27). Contudo, como observado para as outras características, as estruturas com critérios mais complexos de agrupamento, associadas à formação de um número elevado de grupos genéticos, se distanciaram das demais, com desempenhos inferiores quanto à eficiência de seleção e a predição dos valores genéticos dos animais.

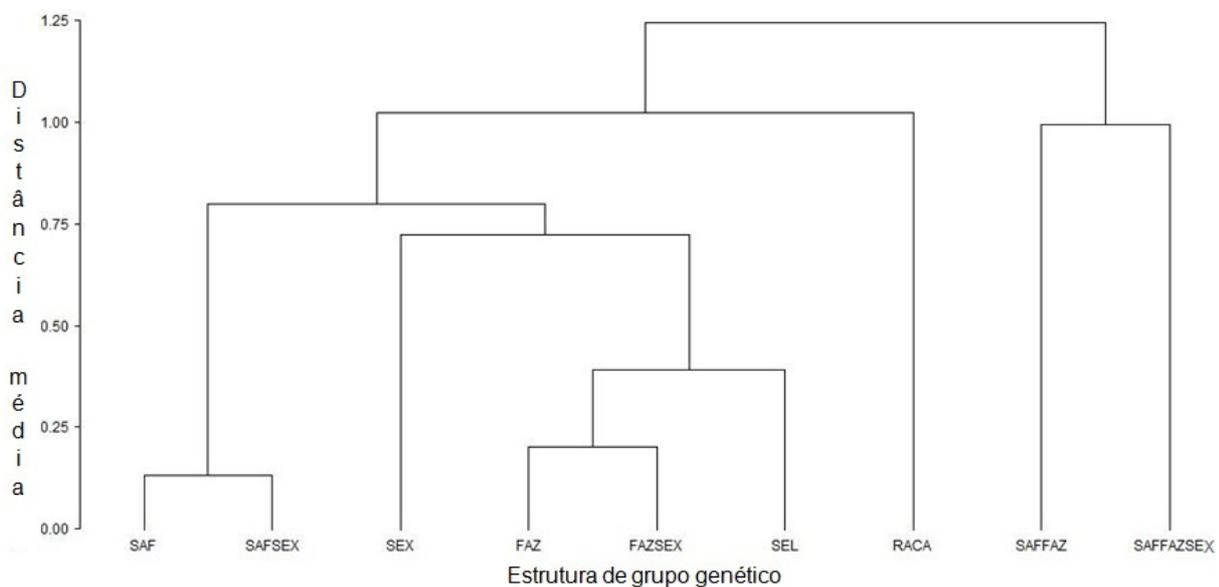


Figura 27 - Dendrograma da análise de agrupamento das estruturas de grupos genéticos na característica de escore de musculosidade

6.3.6 Avaliação comparativa das estratégias de agrupamento

Trabalhos de Pollak, Ufford e Gross (1977), Tong, Kennedy e Moxley (1980), e Peskovcová, Groeneveld e Wolf (2004) apresentaram as consequências da exclusão dos grupos genéticos dos modelos de avaliação genética, ressaltando a importância do emprego destes na presença de diferenças genéticas na população, sejam estas oriundas de efeitos de seleção, da introdução de indivíduos provenientes de população de mérito genético distinto ou mesmo da presença de animais de diferentes raças na mesma população. Entretanto, apesar da eficácia e utilidade desta abordagem, ainda são escassas as discussões acerca dos critérios a serem adotados na formação dos grupos genéticos, os quais influenciam a estimação dos valores genéticos e, conseqüentemente, o processo seletivo de reprodutores.

Neste estudo, não foi observada uma especificidade entre as estratégias de agrupamento e as características estudadas. No geral, houve um favorecimento de estratégias associadas a poucos grupos genéticos e alinhadas às decisões de seleção, como safra de nascimento e composição racial, as quais permitem a obtenção de estimativas não viesadas dos valores genéticos (FAMULA; VAN VLECK, 1982; FAMULA, POLLAK; VAN VLECK, 1983).

As estratégias envolvendo o critério de sexo do parental desconhecido (SEX, SEL e SAFSEX) também apresentaram médias de eficiência de seleção altas, sugerindo que o emprego destas não acarreta em alterações expressivas na escolha de reprodutores. Contudo, através dos valores de correlação, verificou-se que estas não se mostraram eficazes quanto à estimação dos valores genéticos, visto que o número reduzido de grupos genéticos pode não representar adequadamente as diferenças genéticas presentes na população, especialmente entre touros, para os quais a mudança genética, em razão da alta intensidade de seleção e intervalo de gerações curto; é mais rápida comparativamente às fêmeas. Ao contrário, devido ao progresso genético lento em vacas, a estratégia SAFSEX foi penalizada pelo agrupamento de mães “fantasmas” por safra de nascimento.

A adoção de estratégias associadas à formação de um número elevado de grupos genéticos, como SAFFAZ e SAFFAZSEX, ocasionou na redução da eficiência de seleção e das correlações entre os valores genéticos e ordenação dos animais. Apesar de Quaas (1988) atribuir estes resultados a um confundimento

destes grupos com demais efeitos fixos; neste estudo também foi observado que estes resultados são conseqüentes de uma superestimação do efeito de grupos genéticos compostos por poucos pais “fantasmas”.

Esperava-se que a eficiência do agrupamento genético como metodologia alternativa à ausência de informações de genealogia fosse dependente do coeficiente de herdabilidade associado à característica, dado que sob herdabilidades baixas, a informação de parentes torna-se mais importante na avaliação genética. No entanto, as variações entre as características não foram devidas a este parâmetro. De fato, houve uma redução na eficiência de seleção para peso ao nascimento e peso ao desmame comparativamente às demais, entretanto, estas características apresentaram herdabilidades de medianas a altas, inclusive maiores do que as estimativas obtidas para ganho de peso pós-desmame, circunferência escrotal e escore de musculosidade. Dessa forma, estes resultados podem ser consequência da presença do efeito materno no modelo de análise para estas características, cuja estimativa, dependente de informações acerca da genealogia, é empregada na predição do valor genético dos animais. Uma segunda hipótese é o elevado volume de dados, o qual pode introduzir maior variabilidade genética não necessariamente explanada pelas estratégias de agrupamento estudadas.

7 CONSIDERAÇÕES FINAIS

O desempenho das análises envolvendo diferentes estratégias de agrupamento genético depende, primeiramente, da estrutura genética da população e da característica em estudo. Entretanto, a definição da estratégia de grupos genéticos está associada principalmente ao equilíbrio entre a complexidade dos critérios e a representação apropriada das diferenças genéticas. Nisto, apesar das variações verificadas entre as características, pode-se afirmar que as estratégias baseadas na safra de nascimento e na composição racial dos animais mostraram-se como as mais adequadas à avaliação genética, visto as elevadas eficiências de seleção e correlações entre os valores genéticos e a classificação dos animais; resultados provavelmente devidos ao vínculo destes critérios às decisões de seleção nesta população e ao reduzido número de grupos genéticos formados, os quais permitiram a estimação dos efeitos dos grupos genéticos, a diferenciação genética entre os grupos bem como o estabelecimento de uma ligação entre os mesmos.

Por outro lado, as estratégias associadas à combinação de vários critérios com a conseqüente formação de um número excessivo de grupos, acarretaram em um aumento das perdas de seleção e em uma redução na correlação entre os valores genéticos e a ordem dos animais comparativamente aos resultados obtidos assumindo-se uma matriz de relacionamentos completa.

Em suma, concluí-se que o emprego de grupos genéticos é uma alternativa viável e eficiente na ausência de informações de parentesco, não apresentando efeitos negativos substanciais sobre a seleção de reprodutores. Entretanto, a sua eficácia está condicionada à definição da estratégia de agrupamento, a qual, por sua vez, exige um conhecimento acerca do processo seletivo e conseqüentemente, dos critérios de seleção adotados na escolha dos reprodutores, das fontes de variação genética existentes na população, e da intensidade de seleção e intervalo de geração considerados.

Ressalta-se a necessidade de pesquisas adicionais, que avaliem as estratégias de agrupamento quanto à acurácia na predição dos valores genéticos; e que comparem estes resultados aos obtidos na ausência das informações de parentesco e aos produzidos por outras metodologias que consideram paternidade incerta na avaliação genética. No caso de bovinos compostos ou cruzados, fazem-se necessários ainda estudos que explorem mais profundamente o critério de

composição racial, inclusive combinando-o com os demais critérios apresentados em literatura, como ano de nascimento e sexo do parental desconhecido.

REFERÊNCIAS

ALENCAR, M.M. de. Perspectivas para o melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil. In: SIMPÓSIO SOBRE MELHORAMENTO ANIMAL, REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41., 2004, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande: SBZ, 2004. Disponível em: <<http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CPPSE/15172/1/PROCIMMA2004.00003.pdf>>. Acesso em: 23 set. 2011.

ANDRÉ, C.M.G. **Avaliação da melhor predição linear não tendenciosa (BLUP) associada ao uso de marcadores moleculares na análise dialélica.** 1999. 101 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1999.

ARTHUR, P.F.; HEARNshaw, H.; STEPHENSON, P.D. Direct and maternal additive and heterosis effects from crossing *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle: cow and calf performance in two environments. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v.57, p. 231-241, 1999.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNES – ABIEC. Disponível em: <www.abiec.com.br>. Acesso em: 23 set. 2011.

BALIEIRO, J.C.C.; MATTOS, E.C. Controle de dados e escrituração zootécnica: o que coletar e como proceder. In: TURCO, C.P. (Coord.). **Melhoramento genético ao alcance do produtor:** bovinocultura de corte. Bebedouro: Editora Scot Consultoria, 2006, cap. 1, p.11-24.

BARBOSA, P.F. Critérios de seleção em bovinos de corte. In: BARBOSA, P.F.; BARBOSA, R.T.; ESTEVES, S.N. (Ed.). **Intensificação da bovinocultura de corte:** estratégias de melhoramento genético. São Carlos: EMBRAPA-CPPSE, 1997a. p. 41-62.

_____. Estratégias de utilização de recursos genéticos em bovinos de corte. In: BARBOSA, P.F.; BARBOSA, R.T.; ESTEVES, S.N. (Ed.). **Intensificação da bovinocultura de corte:** estratégias de melhoramento genético. São Carlos: EMBRAPA-CPPSE, 1997b. p. 13-29.

BARBOSA, P.F.; ALENCAR, M.M. de. Sistemas de cruzamento em bovinos de corte: estado da arte e necessidades de pesquisa. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 32., 1995, Brasília. **Anais...** Brasília: SBZ, 1995. p. 681-683.

BARROZO, D.; BUZANSKAS, M.E.; OLIVEIRA, J.A.; MUNARI, D.P.; NEVES, H.H.R.; QUEIROZ, S.A. Genetic parameters and environmental effects on temperament score and reproductive traits of Nellore cattle. **Animal**, Cambridge, v. 6, n. 1, p. 36-40, 2012.

BENNETT, G.L.; GREGORY, K.E. Genetic (co)variances among birth weight, 200-day weight, and postweaning gain in composites and parental breeds of beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 74, n. 11, p. 2598-2611, 1996.

BOLIGON, A.A.; SILVA, J.A.V.; SESANA, R.C.; SESANA, J.C.; JUNQUEIRA, J.B.; ALBUQUERQUE, L.G. Estimation of genetic parameters for body weights, scrotal circumference, and testicular volume measured at different ages in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 88, n. 4, p. 1215-1219, 2010.

BOLIGON, A.A.; MERCADANTE, M.E.Z.; ALBUQUERQUE, L.G. Genetic associations of conformation, finishing precocity and muscling visual scores with mature weight in Nelore cattle. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 135, n. 2-3, p. 238-243, 2011.

BOLIGON, A.A.; RORATO, P.R.N.; WEBER, T.; EVERLING, D.M.; LOPES, J.S. Herdabilidades para ganho de peso da desmama ao sobreano e perímetro escrotal ao sobreano e tendências genética e fenotípica para ganho de peso da desmama ao sobreano em bovinos Nelore-Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 35, n. 4, p. 1323-1328, 2006.

BOUQUET, A.; FOUILLOUX, M.N.; RENAND, G.; PHOCAS, F. Genetic parameters for growth, muscularity, feed efficiency and carcass traits of young beef bulls. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 129, n. 1/3, p. 38-48, 2010.

BOURDON, R.M. **Understanding animal breeding**. New Jersey: Prentice-Hall, 2000. 538 p.

BRANDT, H.; MULLENHOFF, A.; LAMBERTZ, C.; ERHARDT, G.; GAULY, M. Estimation of genetic and crossbreeding parameters for preweaning traits in German Angus and Simmental beef cattle and the reciprocal crosses. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 88, n. 1, p. 80-86, 2010.

BRINKS, J.S.; CLARK, R.T.; RICE, F.J. Estimation of genetic trends in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 20, p. 903, 1961.

BUENO FILHO, J.S.S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênies florestais**. 1997. 118 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997.

CANTET, R.; GIANOLA, D.; MISZTAL, I.; FERNANDO, R.L. Estimates of dispersion parameters and of genetic and environmental trends for weaning weight in Angus cattle using a maternal animal model with genetic grouping. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 34, n. 3/4, p. 203-212, 1993.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de caracteres pós-desmama em bovinos da raça Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 33, n. 2, p. 313-319, 2004.

CARDOSO, F.F.; TEMPELMAN, R.J. Genetic evaluation of beef cattle accounting for uncertain paternity. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 89, n. 2/3, p. 109-120, 2004a.

CARDOSO, F.F.; TEMPELMAN, R.J. Hierarchical Bayes multiple-breed inference with an application to genetic evaluation of a Nelore-Hereford population. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 82, n. 6, p. 1589-1601, 2004b.

CARDOSO, V.L.; NOGUEIRA, J.R.; VERCESI FILHO, A.E.; EL FARO, L.; LIMA, N.C. Objetivos de seleção e valores econômicos de características de importância econômica para um sistema de produção de leite a pasto na Região Sudeste. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 33, n. 2, p. 320-327, 2004.

CARTWRIGHT, T.C. Selection criteria for beef cattle for the future. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 30, n. 2, p. 706-711, 1970.

CASELLAS, J.; PIEDRAFITA, J.; VARONA, L. Bayes factor for testing between different structures of random genetic groups: A case study using weaning weight in Bruna dels Pirineus beef cattle. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis, v. 39, n. 1, p. 39-53, 2007.

COSTA, G.Z.; QUEIROZ, S.A.; OLIVEIRA, J.A.; FRIES, L.A. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de escores visuais e de ganho médio de peso do nascimento a desmama de bovinos formadores da raça Brangus. **Ars Veterinaria**, Jaboticabal, v. 24, n. 3, p. 172-176, 2008.

CREWS, D.H. Jr.; FRANKE, D.E. Heterogeneity of variances for carcass traits by percentage Brahman inheritance. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 76, n. 7, p. 1803-1809, 1998.

CREWS, D.H. Jr.; KEMP, R.A. Genetic evaluation of carcass yield using ultrasound measures on young replacement beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 80, p. 1809-1818, 2002.

CREWS, D.H. Jr.; WANG, Z. Illustration of the maternal animal model used for genetic evaluation of beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 85, n. 7, p. 1842-1848.

CUBAS, A.C.; PEROTTO, D.; ABRAHÃO, J.J.S.; MELLA, S.C. Desempenho até a desmama de bezerros Nelore e cruzas com Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 30, n. 3, p. 694-701, 2001.

CUNNINGHAM, E. P. Crossbreeding -The Greek Temple Model. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Oxford, v. 104, n. 2-11, 1987.

CYRILLO, J.N.S.G.; RAZOOK, A.G.; FIGUEIREDO, L.A. de; BONILHA NETO, L.M.; MERCADANTE, M.E.Z.; TONHATI, H. Estimativas de tendências e parâmetros genéticos do peso padronizado aos 378 dias de idade, medidas corporais e perímetro escrotal de machos Nelore de Sertãozinho, SP. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 30, n. 1, p. 56-65, 2001.

DEMEKE, S.; NESER, F.W.C.; SHOEMAN, S.J. Early growth performance of *Bos taurus* x *Bos indicus* cattle crosses in Ethiopia: Evaluation of different crossbreeding models. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Oxford, v. 120, p. 39-50.

DICKERSON, G.E. Inbreeding and heterosis in animals. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 1973, p. 54-77, 1973.

DODENHOFF, J.; VAN VLECK, L. D.; GREGORY, K. E. Estimation of direct, maternal, and grandmaternal genetic effects for weaning weight in several breeds of beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 77, n. 4, p. 840-845, 1999.

ELER, J.P.; VAN VLECK, L.D.; FERRAZ, J.B.; LOBO, R.B. Estimation of variances due to direct and maternal effects for growth traits of Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 73, n. 11, p. 3253-3258, 1995.

ELER, J.P. **Teorias e métodos em melhoramento genético animal**. Pirassununga: FZEA-USP, 2001. 262 p. (Apostila).

ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; SILVA, P.R. Parâmetros genéticos para peso, avaliação visual e circunferência escrotal na raça Nelore, estimados por modelo animal. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 48, p. 203-213, 1996.

EUCLIDES FILHO, K. **Produção de bovino de corte e o trinômio genótipo-ambiente-mercado**. Campo Grande: EMBRAPA, 2000. Disponível em: <<http://www.cnpqg.embrapa.br/publicacoes/doc/doc85/index.html>>. Acesso em: 23 set. 2011.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. Harlow: Longmans Green, 1996. 464 p.

FAMULA, T. Simple and rapid inversion of additive relationship matrices incorporating parental uncertainty. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 70, n. 4, p. 1045, 1992.

FAMULA, T.; POLLAK, E.; VAN VLECK, L. Genetic groups in dairy sire evaluation under a selection model. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 66, n. 4, p. 927-934, 1983.

FAMULA, T.; VAN VLECK, L. Monte Carlo study of genetic groups in sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 65, n. 7, p. 1286-1293, 1982.

FERRAZ FILHO, P.B.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C. da; SOUZA, J.C. de; ALENCAR, M.M. de; MALHADO, C.H.M. Tendência genética dos efeitos direto e materno sobre os pesos à desmama e pós-desmama de bovinos da raça Tabapuã no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 31, n. 2, p. 635-640, 2002.

- FERRAZ J.B.S.; ELER, J.P. Melhoramento genético para aumento de produtividade em gado de corte no Brasil: A história, o presente e o futuro. In: PIRES, A.V. (Ed.). **Bovinocultura de corte**. Piracicaba: FEALQ, 2010. cap. 38, p. 763-784.
- FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; GOLDEN, B.L. Análise genética do composto Montana Tropical. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v. 23, p. 111-113, 1999.
- FERRAZ, J.B.S.; FRIES, L.A. Programas de avaliação genética de bovinos de corte no Brasil. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: FZEA-USP, 2004. 1 CD-ROM.
- FERRAZ, J.B.S.; SHIMBO, M.V. Cruzamentos e bovinos compostos. In: TURCO, C.P. (Coord.). **Melhoramento genético ao alcance do produtor: bovinocultura de corte**. Bebedouro: Editora Scot Consultoria, 2006, cap. 6, p.95-114.
- FNP CONSULTORIA & COMÉRCIO. **Anualpec 2008: anuário da pecuária brasileira**. São Paulo: FNP, 2008. 420 p.
- FORNI, S.; ALBUQUERQUE, L.G. Estimates of genetic correlations between days to calving and reproductive and weight traits in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 83, n. 7, p. 1511-1515, 2005.
- FORNI, S.; FEDERICI, J.F.; ALBUQUERQUE, L.G. Tendências genéticas para escores visuais de conformação, precocidade e musculatura à desmama de bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 36, n. 3, p. 572-577, 2007.
- FOULLEY, J.L.; GIANOLA, D.; PLANCHENAULT, D. Sire evaluation with uncertain paternity. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis, v. 19, n. 1, p. 83-102, 1987.
- FRANKE, D.E.; HABET, O.; TAWAH, L.C.; WILLIAMS, A.R.; DEROUEN, S.M. Direct and maternal genetic effects on birth and weaning traits in multibreed cattle data and predicted performance of breed crosses. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 79, n. 7, p. 1713-1722, 2001.
- FRIES, L.A.; JOHNSTON, D.J.; HEARNshaw, H.; GRASER, H.U. Evidence of epistatic effects on weaning weight in crossbred beef cattle. **Asian Australian Journal of Animal Science**, Seul, v. 13, suppl. B, p. 242.
- FRIES, L.A.; SCHENKEL, F.S.; ROSO, V.M.; BRITO, F.V.; SEVERO, J.L.P.; PICCOLI, M.L. Epistazigose e efeitos epistáticos. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 4., 2002, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande: SBMA, 2002. Disponível em: <
<http://www.sbmaonline.org.br/anais/iv/trabalhos/pdfs/ivt02bc.pdf> >. Acesso em: 23 set. 2011.
- GARCIA, C.H. **Aplicação de equações de modelos mistos em testes clonais de *Eucalyptus spp.*** 2004. 74 p. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agrônômica) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2004.

GARNERO, A.V.; MUÑOZ, M.C.C.D.; MARCONDES, C.R.; LÔBO, R.B.; LIRA, T.; GUNSKI, R.J. Estimação de parâmetros genéticos entre pesos pré e pós-desmama na raça Nelore. **Archivos de Zootecnia**, Cordoba, v. 59, n. 226, p. 307-310, 2010.

GONÇALVES, F.M.; PIRES, A.V.; PEREIRA, I.G.; GARCIA, D.A.; FARAH, M.M.; MEIRA, C.T.; CRUZ, V.A.R. Avaliação genética para peso corporal em um rebanho Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 63, n. 1, p. 158-164, 2011.

GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V. Breeding programs to use heterosis and breed complementarity. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v. 23, p. 65-77, 1999.

GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V.; KOCH, R.M. Breed effects and heterosis in advanced generations of composite populations for birth weight, birth date, and survival as traits of dam in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 69, p. 3574-3589, 1991a.

_____. Breed effects and heterosis in advanced generations of composite populations for preweaning traits of beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 69, p. 947-960, 1991b.

_____. Genetic and phenotypic (co)variances for growth and carcass traits of purebred and composite populations of beef-cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 73, n. 7, p. 1920-1926, 1995a.

_____. Genetic and phenotypic (co)variances for production traits of intact male populations of purebred and composite beef-cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 73, n. 8, p. 2227-2234, 1995b.

GREGORY, K.E.; LUNSTRA, D.D.; CUNDIFF, L.V.; KOCH, R.M. Breed effects and heterosis in advanced generations of composite populations for puberty and scrotal traits of beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 69, p. 2795-2807, 1991.

GROENEVELD, E.; KOVAC, M.; MIELENZ, N. **VCE**: user's guide and reference manual. Version 6.0. 2008. 125 p. Disponível em: <<ftp://ftp.tvz.fal.de/pub/vce6/doc/vce6-manual-3.1.-A4.pdf>>. Acesso em: 11 jan. 2011.

_____. **PEST 2**: user's guide and reference manual. Version 2.0. Urbana: Department of Animal Science, University of Illinois, 2009. 77 p.

HARTLEY, H.O.; RAO, J.N.K. Maximum-likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. **Biometrika**, Cambridge, v. 54, p. 93-108, 1967.

HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetic trends. In: Animal Breeding and Genetics Symposium in Honor of J. Lush, 1973, Champaign. **Proceedings...** Champaign: American Society of Animal Science, 1973. p. 10-41.

HENDERSON, C.R. Estimation of changes in herd environment. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 32, p. 709, 1949.

_____. Estimation of variance and covariance components. **Biometrics**, Washington, v. 9, p. 266-252, 1953.

_____. The best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, Washington, v. 31, p. 423-449, 1975.

_____. Use of an average numerator relationship matrix for multiple-sire joining. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 66, n. 7, p. 1614, 1988.

HENDERSON, C.R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S.R.; KROSIGK, C.M. von. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, Washington, v. 15, p. 192-218, 1959.

HEYEN, D.W.; BEEVER, J.E.; DA, Y.; EVERT, R.E.; GREEN, C.; BATES, S.R.; ZIEGLE, J.S.; LEWIN, H.A. Exclusion probabilities of 22 bovine microsatellite markers in fluorescent multiplexes for semiautomated parentage testing. **Animal Genetics**, Oxford, v. 28, n. 1, p. 21-27, 1997.

KEALEY, C.G.; MACNEIL, M.D.; TESS, M.W.; GEARY, T.W.; BELLOWS, R.A. Genetic parameter estimates for scrotal circumference and semen characteristics of Line 1 Hereford bulls. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 4, n. 2, p. 283-290, 2006.

KENNEDY, B.; MOXLEY, J. Comparison of genetic group and relationship methods for mixed model sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 58, n. 10, p. 1507-1514, 1975.

KENNEDY, B.W. Bias and mean square error from ignoring genetic groups in mixed model sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 64, p. 689-697, 1981.

KENNEDY, B.W.; SORENSEN, D.A. Properties of mixed model methods for prediction of genetic merit under different genetic models in selected and unselected populations. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2., 1988, Raleigh. **Proceedings...** Raleigh: NCSU, 1988. p. 91-103.

KINGHORN, B.; WERF, J. van der; RYAN, M. **Melhoramento animal: uso de novas tecnologias**. Piracicaba: FEALQ, 2006. 367 p.

KOCH, R.M.; DICKERSON, G.E.; CUNDIFF, L.V.; GREGORY, K.E. Heterosis retained in advanced generations of crosses among Angus and Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 60, n. 5, p. 1117-1132, 1985.

KOCH, R.M. The role of maternal effects in animal breeding: VI. Maternal effects in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 35, n. 6, p. 1316-1323.

KOCH, R.M.; CUNDIFF, L.V.; GREGORY, K.E. Beef cattle breed resource utilization. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 3, p. 55-80, 1989.

KOURY FILHO, W. **Escores visuais e suas relações com características de crescimento em bovinos de corte**. 2005. 80 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual de São Paulo, Jaboticabal, 2005.

LOPES, P.S.; MARTINS, E.N.; SILVA, M.A.; REGAZZI, A.J. **Estimação de componentes de variância**. Viçosa, MG: UFV, 1993. 61 p.

LUCHIARI FILHO, A. E por falar em carnes vermelhas. **Informativo ABCZ**, Uberaba, ano 16, n. 4, p. 19, fev. / mar. 1999.

LUCHIARI FILHO, A. Produção de carne bovina no Brasil: Qualidade, quantidade ou ambas? In: SIMPÓSIO SOBRE DESAFIOS E NOVAS TECNOLOGIAS NA BOVINOCULTURA DE CORTE, 2., 2006, Brasília. **Anais...** Brasília: UPIS, 2006. Disponível em: <
<http://www.upis.br/simboi/anais/produ%E7%E3o%20de%20carne%20bovina%20no%20brasil%20-%20albino%20luchiari%20filho.pdf>>. Acesso em: 23 set. 2011.

LUCHIARI FILHO, A.; MOURÃO, G.B. **Melhoramento, Raças e seus Cruzamentos na Pecuária Brasileira**. Pirassununga: LinBife, 2006. 142 p.

MARTINEZ-GONZALEZ, J.C.; GARCÍA-ESQUIVEL, F.J.; PARRA-BRACAMONTE, G.M.; CASTILLO-JUÁREZ, H.; CIENFUEGOS-RIVAS, E.G. Genetic parameters for growth traits in Mexican Nellore cattle. **Tropical Animal Health and Production**, Dordrecht, v. 42, n. 5, p. 887-892, 2010.

McALLISTER, C.M.; SPEIDER, S.E.; CREWS, D.H. Jr.; ENNS, R.M. Genetic parameters for intramuscular fat percentage, marbling score, scrotal circumference, and heifer pregnancy in Red Angus cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 89, n. 7, p. 2068-2072, 2011.

MELLO, S.P.; ALENCAR, M.M. de; SILVA, L.O.C. da; BARBOSA, R.T.; BARBOSA, P.F. Estimativas de (co)variâncias e tendências genéticas para pesos em um rebanho Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 31, n. 4, p. 1707-1714, 2002.

MEYER, K. Variance-components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef-cattle. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 31, n. 3/4, p. 179-204, 1992.

_____. Estimates of genetic parameters for weaning weight of beef cattle accounting for direct-maternal environmental covariances. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 52, n. 3, p. 187-199, 1997.

MORRIS, C.A.; BAKER, R.L.; HOENBOKEN, W.D.; JOHNSON, D.L.; CULLEN, N.G. Heterosis retention for live weight in advanced generations of a Hereford and Angus crossbreeding experiment. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 3., 1986, Lincoln. **Proceedings...** Lincoln: University of Nebraska, 1986. v. 11, p. 301-307.

MOURÃO, G.B. **Estimação de efeitos genéticos aditivos diretos e maternos e não aditivos e predição do desempenho de pesos, perímetro escrotal e musculabilidade em uma população de bovinos de corte compostos (*Bos taurus* x *Bos indicus*)**. 2005. 109 p. Tese (Doutorado em Qualidade e Produtividade Animal) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2005.

MOURÃO, G.B.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; BALIEIRO, J.C.C.; BUENO, R.S.; MATTOS, E.C.; FIGUEIREDO, L.G.G. Genetic parameters for growth traits of a Brazilian *Bos taurus* x *Bos indicus* beef composite. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 6, n. 4, p. 1190-1200, 2007.

MOURÃO, G.B.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; BUENO, R.S.; BALIEIRO, J.C.; MATTOS, E.C.; FIGUEIREDO, L.G. Non-additive genetic effects on weights and performance of a Brazilian *Bos taurus* x *Bos indicus* beef composite. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v.7, n.4, p.1156-11163, 2008.

MOURÃO, G.B.; FORMIGONI, I.B. Entendendo a seleção, seus conceitos e sua aplicação. In: TURCO, C.P. (Coord.). **Melhoramento genético ao alcance do produtor: bovinocultura de corte**. Bebedouro: Editora Scot Consultoria, 2006, cap. 2, p. 27-46.

PANTER, D.M.; ALLEN, F.L. Using best linear unbiased predictions to enhance breeding for yield in soybean: II Selection of superior crosses from a limited number of yield trials. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 2, p. 405-410, 1995.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, Oxford, v. 58, p. 545-554, 1971.

PEREZ-ENCISO, M.; FERNANDO, R. Genetic evaluation with uncertain parentage: a comparison of methods. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 84, n. 1, p. 173-179, 1992.

PEROTTO, D. **Raças e cruzamentos na produção de bovinos de corte**. Curitiba: SENAR, 2000. 77 p. (Apostila)

PESKOVICOVÁ, D.; GROENEVELD, E.; WOLF, J. Effect of genetic groups on the efficiency of selection in pigs. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 88, n. 3, p. 213-222, 2004.

PHOCAS, F.; LALOE, D. Genetic parameters for birth and weaning traits in French specialized beef cattle breeds. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 89, n. 2-3, p. 121-128, 2004.

POIVEY, J.; ELSEN, J. Estimation de la valeur génétique des reproducteurs dans les cas d'incertitude sur les apparentements I. Formulation des indices de sélection. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis, v. 16, n. 4, p. 445, 1984.

POLLAK, E.J.; UFFORD, G.R.; GROSS, S.J. Comparison of alternative models for within-herd genetic evaluation of beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 45, p. 1010-1014.

QUAAS, R. Additive genetic model with groups and relationships. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 71, n. 5, p. 1338-1345, 1988.

QUAAS, R.; POLLAK, E. Modified equations for sire models with groups. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 64, n. 9, p. 1868-1872, 1981.

QUEIROZ, S.A.; OLIVEIRA, J.A.; COSTA, G.Z.; FRIES, L.A. Estimates of genetic parameters for visual scores and daily weight gain in Brangus animals. **Animal**, Cambridge, v. 5, n. 6, p. 838-843, 2011.

RAO, C.R. Estimation of heteroscedastic variances in linear models. **Journal of American Statistical Association**, Baltimore, v. 65, p. 161-172, 1970.

_____. Estimation of variance and covariance components – MINQUE Theory. **Journal of Multivariate Analysis**, Maryland Heights, v. 1, p. 257-275, 1971a.

RAO, C.R. Minimum variance quadratic unbiased estimation of variance components. **Journal of Multivariate Analysis**, Maryland Heights, v. 1, p. 445-456, 1971b.

REGATIERI, I.C.; BOLIGON, A.A.; DE ALBUQUERQUE, L.G. Genetic analysis of visual scores and their relationships to mature female weight in Nellore breed. **Brazilian Journal of Animal Science**, Viçosa, MG, v. 40, n. 1, p. 100-105, 2011.

RESENDE, M.D.V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2000. 102 p.

_____. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

RESENDE, M.D.V.; ROSA-PEREZ, J.R.H. **Genética e melhoramento de ovinos**. Curitiba: UFPR, 2001. 185 p.

ROBINSON, G.K. Group effects and computing strategies for models for estimating breeding values. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 69, n. 12, p. 3106-3111, 1986.

RODRIGUEZ, M.; TORO, M.; SILIÓ, L. Selection on lean growth in a nucleus of Landrace pigs: an analysis using Gibbs sampling. **Animal Science**, Cambridge, v. 63, p. 243-253, 1996.

RODRIGUEZ-ALMEIDA, F.A.; VAN VLECK, L.D.; GREGORY, K.E. Estimation of direct and maternal breed effects for prediction of expected progeny differences for birth and weaning weights in three multibreed populations. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 75, n. 5, p. 1203-1212, 1997.

ROSO, V.M.; SCHENKEL, F.S.; MILLER, S.P.; SCHAEFFER, L.R. Estimation of genetic effects in the presence of multicollinearity in multibreed beef cattle evaluation. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 83, n. 8, p. 1788-1800, 2005a.

ROSO, V.M.; SCHENKEL, F.S.; MILLER, S.P.; WILTON, J.W. Additive, dominance, and epistatic loss effects on preweaning weight gain of crossbred beef cattle from different *Bos Taurus* breeds. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 83, p.1780-1787, 2005b.

SAMPAIO, I.B.M. **Estatística aplicada à experimentação animal**. Belo Horizonte: FEP-MVZ, 2007. 264 p.

SAPP, R.; ZHANG, W.; BERTRAND, J.K.; REKAYA, R. Genetic evaluation in the presence of uncertain additive relationships: I. Use of phenotypic information to ascertain paternity. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 85, p. 2391-2400, 2007.

SCHAEFFER, L.R.; FREEMAN, M.G.; BURNSIDE, E.B. Evaluation of ontario Holstein dairy sires for milk and fat production. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 58, n. 1, p. 109-115, 1975.

SEARLE, S.R. **Linear models**. New York: John Willey, 1971. 532 p.

SEARLE, S.R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C.E. **Variance components**. New York: John Willey, 1992. 528 p.

SHIOTSUKI, L.; SILVA, J.A.V.; TONHATI, H.; ALBUQUERQUE, L.G. Genetic associations of sexual precocity with growth traits and visual scores of conformation, finishing, and muscling in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 87, n. 5, p. 1591-1597, 2009.

SMITH, E.J.; SAVAGE, T.F.; HARPER, J.A. Genetic variation in the incidence of pipped eggs in turkey selected for low and high semen ejaculate volume. **Poultry Science**, Champaign, v. 70, p. 2219-2222, 1991.

SORENSEN, D.A.; KENNEDY, B.W. Estimation of response to selection using least-square and mixed methodology. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 58, n. 4, p. 1097-1106, 1984.

SULLIVAN, P. Alternatives for genetic evaluation with uncertain parentage. **Canadian Journal of Animal Science**, Ottawa, v. 75, n. 1, p. 31-36, 1995.

THERON, H.; KANFER, F.; RAUTENBACH, L. The effect of phantom parent groups on genetic trend estimation. **South African Journal of Animal Science**, Pretoria, v. 32, n. 2, p. 130, 2003.

THOMPSON, R. Sire evaluation. **Biometrics**, Washington, v. 35, p. 339-353, 1979.

TONG, A.K.W.; KENNEDY, B.W.; MOXLEY, J.E. Potential errors in sire evaluation from regional genetic differences. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 63, n. 4, p. 627-633, 1980.

TORAL, F.L.B.; ROSO, V.M.; ARAÚJO, C.V. de; REIS FILHO, J.C. Genetic parameters and response to selection for post-weaning weight gain, visual scores and carcass traits in Hereford and Hereford x Nellore cattle. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 137, n. 1/3, p. 231-237, 2011.

TORRES JÚNIOR, R.A.A. Modelos com grupos genéticos e grupos de pais fantasmas. IN: SILVA, M.A. et al. **Modelos lineares aplicados ao melhoramento genético animal**. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2008, cap. 12, p. 306-321.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE – USDA. Disponível em: <www.usda.gov>. Acesso em: 23 set. 2011.

VAN EENENNAAM, A.L.; WEABER, R.L.; DRAKE, D.J.; PENEDO, M.C.; QUAAS, R.L.; GARRICK, D.J.; POLLAK, E.J. DNA-based paternity analysis and genetic evaluation in a large, commercial cattle ranch setting. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 85, n. 12, p. 3159-3169, 2007.

VAN MELIS, M.H.; ELER, J.P.; SILVA, J.A.V.; FERRAZ, J.B.S. Estimaco de parâmetros genéticos em bovinos de corte utilizando os métodos de máxima verossimilhança restrita e R. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 32, n. 6, p. 1624-1632, 2003.

VANKAN, D.; FADDY, M. Estimations of the efficacy and reliability of paternity assignments from DNA microsatellite analysis of multiple-sire matings. **Animal genetics**, Oxford, v. 30, n. 5, p. 355-361, 1999.

VAYEGO, S.A. **Uso de modelos mistos na avaliação genética de linhagens de matrizes de frango de corte**. 2007. 104 p. Tese (Doutorado em Melhoramento Genético Animal) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2007.

VERGARA, O.D.; ELZO, M.A.; CERON-MUÑOZ, M.F.; ARBOLEDA, E.M. Weaning weight and post-weaning gain genetic parameters and genetic trends in a Blanco Orejinegro-Romosinuano-Angus-Zebu multibreed cattle population in Colombia. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 124, n1/3, p. 156-162, 2009.

WASIKE, C.B.; ILATSIA, E.D.; OJANGO, J.M.K.; KAHN, A.K. Genetic parameters for weaning weight of Kenyan Boran cattle accounting for direct-maternal genetic covariances. **South African Journal of Animal Science**, Pretoria, v. 36, n. 4, p. 275-281, 2006.

WEBER, T.; RORATO, P.R.N.; LOPES, J.S.; COMIN, J.G.; DORNELLES, M.A.; ARAÚJO, R.O. de. Parâmetros genéticos e tendências genéticas e fenotípicas para características produtivas e de conformação na fase pré-desmama em uma população da raça Aberdeen Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 38, n. 5, p. 832-842, 2009.

WESTELL, R.; QUAAS, R.; VAN VLECK, L. Genetic groups in an animal model. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 71, n. 5, p. 1310-1318, 1988.

WESTELL, R.; VAN VLECK, L. Simultaneous genetic evaluation of sires and cows for a large population of dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 70, n. 5, p. 1006-1017, 1987.

WHITE, T.; HODGE, G. **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement**. Dordrecht: Kluwer Academic, 1989. 367 p.

WILLIAMS, J.L.; AGUILAR, I.; REKAYA, R.; BERTRAND, J.K. Estimation of breed and heterosis effects for growth and carcass traits in cattle using published crossbreeding studies. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 88, n. 2, p. 460-466, 2010.

YOKOO, M.J.; LOBO, R.B.; ARAUJO, F.R.C.; BEZERRA, L.A.F.; SAINZ, R.D.; ALBUQUERQUE, L.G. Genetic associations between carcass traits measured by real-time ultrasound and scrotal circumference and growth traits in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 88, n. 1, p. 52-58, 2010.

YOKOO, M.J.I.; WERNECK, J.N.; PEREIRA, M.C.; ALBUQUERQUE, L.G.; KOURY FILHO, W.; SAINZ, R.D.; LOBO, R.B.; ARAUJO, F.R.C. Correlações genéticas entre escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassom em bovinos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 2, p. 197-202, 2009.