UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
FACULDADE DE MEDICINA DE RIBEIRÃO PRETO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA

MANUELA PIRES MONTEIRO DA GAMA

**Associações genéticas entre características reprodutivas, de
crescimento e produção de leite em animais Guzerá utilizando
modelos de dimensão finita e infinita**

Ribeirão Preto – SP

2017

MANUELA PIRES MONTEIRO DA GAMA

Associações genéticas entre características reprodutivas, de crescimento e produção de leite em animais Guzerá utilizando modelos de dimensão finita e infinita

Versão corrigida

Tese apresentada ao Departamento de Genética da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto da Universidade de São Paulo, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Doutor Em Ciências.

Área de concentração: Genética

Orientador: Profª. Dra. Claudia Cristina Paro de Paz

Co-orientadora: Profª. Dra. Lenira El Faro Zadra

Ribeirão Preto – SP

2017

Versão corrigida. A versão original encontra-se disponível tanto na Biblioteca da Unidade que aloja o Programa, quanto na Biblioteca Digital de Teses e Dissertações da USP (BDTD)

Autorizo a reprodução e divulgação total ou parcial deste trabalho, por qualquer meio convencional ou eletrônico, para fins de estudo e pesquisa, desde que citada a fonte.

Gama, Manuela Pires Monteiro da

Associações genéticas entre características reprodutivas, de crescimento e produção de leite em animais Guzerá utilizando modelos de dimensão finita e infinita. Ribeirão Preto, 2017.

90 p. : il. ; 30 cm

Tese de Doutorado, apresentada à Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto/USP. Área de concentração: Genética.

Orientador: Cristina Paro de Paz, Claudia.

Co-orientador: El Faro Zadra, Lenira.

1.Análises de agrupamento. 2.Bovinos 3.Componentes principais.
4.Correlações genéticas. 5.Polinômio de Legendre. 6.Regressão aleatória

Nome: GAMA, Manuela Pires Monteiro da

Título: Associações genéticas entre características reprodutivas, de crescimento e produção de leite em animais Guzerá utilizando modelos de dimensão finita e infinita.

Tese apresentada ao Departamento de Genética da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto da Universidade de São Paulo, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Doutor Em Ciências.

Aprovado em: ____/____/____

Banca Examinadora

Prof. Dr. _____

Instituição: _____ Assinatura: _____

Prof. Dr. _____

Instituição: _____ Assinatura: _____

Prof. Dr. _____

Instituição: _____ Assinatura: _____

Prof. Dr. _____

Instituição: _____ Assinatura: _____

Prof. Dr. _____

Instituição: _____ Assinatura: _____

APOIO E SUPORTE FINANCEIRO

CONSELHO NACIONAL DE DESENVOLVIMENTO CIENTÍFICO E TECNOLÓGICO
(CNPq)
Processo No. 141631/2014-7
BOLSA DE ESTUDO

COORDENAÇÃO DE APERFEIÇOAMENTO DE PESSOAL DE NÍVEL SUPERIOR
(CAPES)
BOLSA DE ESTUDO

**À minha família,
dedico**

AGRADECIMENTOS

À Deus.

Ao meu filho, José Eduardo, por existir. Ao meu marido, José Ricardo, por me fazer acreditar.

Aos meus pais, Antônio Carlos (*in memorian*) e Maria de Jesus, por me mostrarem o que realmente vale a pena na vida, ser quem eu sou. À minha segunda mãe Celeste (*in memorian*) e minha avó Vera, por serem meus exemplos.

À Dra. Claudia Cristina Paro de Paz, pela orientação e ensinamentos.

À Dra. Lenira El Faro Zadra pela enorme colaboração e por dividir seu conhecimento.

À Dra Maria Gabriela Peixoto, pela disponibilidade e colaboração.

Ao Dr. Mário L. Santana Jr., por toda a dedicação e competência, meu especial obrigada. Admiro você e me sinto honrada por ter tido a oportunidade de aprender tanto.

Ao Dr. Rodrigo P. Savegnago, pela grande contribuição, disponibilidade e paciência.

À Dra. Ester Ramos, impossível descrever minha gratidão. No momento mais difícil, a senhora me estendeu a mão. Jamais esquecerei.

À Universidade de São Paulo, através do Departamento de Genética da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto pela oportunidade de realizar o Doutorado.

Aos colegas e colaboradores do Departamento de Genética, em especial do Bloco C pelo coleguismo, profissionalismo, competência e amizade. Faço um agradecimento especial à Susie, pela ajuda e pela amizade.

Ao Sr. Luiz Bezerra, que tanto colaborou para que eu conseguisse rodar minhas análises, sem medir esforços para me ajudar.

Heloíse, Juliana, Artur, Gabriela, Jefferson, Carol e Thiago e Desireé como agradecer? Faltam palavras... sobra amor e gratidão.

Gisele, você foi meu porto seguro. Acreditou quando eu não acreditei e agradeço muito por isso. Sua amizade é uma das melhores partes desse doutorado.

Ao Instituto de Zootecnia e ao APTA, seus colaboradores, pesquisadores e alunos pela disponibilidade do espaço e outros recursos durante a execução do projeto de pesquisa, pelo companheirismo e amizades que fiz.

Aos amigos Elisa, Heverton e Marco Aurélio pela amizade e parceria.

À todos os amigos que cursaram comigo esse Doutorado, impossível listar todos, mas meu coração é grato a cada um.

Ao CNPq e a CAPES pelo auxílio financeiro, a ABCZ pela disponibilidade dos dados.

À todos, meus mais sinceros agradecimentos.

"Há homens que lutam um dia e são bons, há outros que lutam um ano e são melhores, há os que lutam muitos anos e são muito bons. Mas há os que lutam toda a vida e estes são imprescindíveis."

Bertold Brecht

RESUMO

GAMA, M. P. M. **Associações genéticas entre características reprodutivas, de crescimento e produção de leite em animais Guzerá utilizando modelos de dimensão finita e infinita.** 2017. 90 f. Tese (Doutorado) – Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 2017.

Os objetivos deste trabalho foram estimar as associações genéticas entre características de crescimento e produção de leite, utilizando análises bicaracterísticas, e entre características de crescimento, perímetro escrotal e idade ao primeiro parto utilizando modelos de regressão aleatória, de animais da raça Guzerá. Para as análises bicaracterísticas foram utilizadas 252.257 informações de pesos de machos e fêmeas aos 120 dias (P120), ao desmame (PD), ao ano (P365), ao sobreano (PSOBRE) aos 24 meses de idade (P24) e 6.493 lactações encerradas (P305), pertencentes a 4.723 vacas, e os modelos incluíram como os efeitos aleatórios o genético aditivo direto, de ambiente permanente materno e residual, e como efeitos fixos os grupos de contemporâneos e a idade da vaca ao parto (efeito linear e quadrático). Para as análises com os modelos de regressão aleatória foram utilizadas 159.366 observações de pesos e 23.780 de perímetro escrotal, realizadas entre 335 e 724 dias de idade dos animais e agrupadas em classes com intervalo de 10 dias, e 63.596 observações de idade ao primeiro parto. Os efeitos aleatórios considerados foram o genético aditivo direto, de ambiente permanente e residual e como efeitos fixos os grupos de contemporâneos, a idade da vaca ao parto (efeito linear e quadrático) e a curva fixa para modelar a tendência média da população (quadrática) sobre as classes de idade. Foram testados quatro possíveis graus de polinômios de Legendre (zero, linear, quadrático e cúbico), sendo o quadrático mais adequado para descrever as variâncias das características analisadas. Para verificar a existência de diferentes padrões de crescimento e agrupar os touros com base nos seus valores genéticos para produção de carne, leite e duplo propósito, foram realizadas análises de componentes principais e de agrupamento. As herdabilidades estimadas foram 0,23; 0,14; 0,16; 0,17; 0,21 e 0,22 para P305, P120, PD, P365, PSOBRE e P24, respectivamente, sugerindo que para as características de pesos, as herdabilidades aumentam com o aumento da idade dos animais. Mesma tendência foi observada pelas análises de regressão aleatória, cujas herdabilidades variaram de 0,17 a 0,31. As correlações genéticas entre os pesos em diferentes idades e a produção de leite foram positivas e de magnitude moderada a baixa, variando de 0,27 a 0,38 sugerindo que a seleção para peso e P305 possa ser realizada de forma simultânea nos

mesmos animais. As análises de componentes principais indicaram a mesma tendência observada pelas correlações genéticas. As análises de agrupamento mostraram que a raça Guzerá possui touros com diferentes perfis genéticos, sendo possível realizar a seleção para corte, leite ou duplo propósito. As correlações genéticas entre os pesos e perímetro escrotal foram positivas e favoráveis, variando de 0,31 a 0,47, indicando que a seleção para aumento do peso poderá resultar em animais com maior perímetro escrotal. As correlações entre peso e idade ao primeiro parto variaram de -0,56 a -0,38 e perímetro escrotal e idade ao primeiro parto variaram de -0,55 a 0,08, sugerindo que a redução da idade ao primeiro parto poderá ocorrer, a longo prazo, quando peso e perímetro escrotal forem objetivos de seleção. A eficiência relativa de seleção indicou maior resposta pela seleção indireta para idade ao primeiro parto, quando realizada a seleção para perímetro escrotal a partir dos 615 dias de idade, quando comparada com o ganho genético direto para idade ao primeiro parto.

Palavras-chave: Análise de agrupamento. Bovinos. Componentes principais. Correlações genéticas. Polinômio de Legendre. Regressão aleatória.

ABSTRACT

GAMA, M. P. M. **Genetic associations between reproductive, growth and milk production traits in Guzerat cattle using finite and infinite dimensional models.** 2017. 90 f. Thesis (Doctorate) – Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 2017.

The objectives of this study were to estimate the genetic associations between growth and milk production traits in Guzerat cattle using two-trait analysis and between growth traits, scrotal circumference and age at first calving using random regression models. For two-trait analysis, 252,257 weight records of males and females obtained at 120 days of age (W120), weaning (WW), yearling (YW), post-weaning (PWW) and 24 months of age (W24), as well as 6,493 complete lactation records (W305) of 4,723 cows, were used. The models included direct additive genetic, maternal permanent environmental and residual effects as random effects, and the contemporary groups and age of cow at calving (linear and quadratic effect) as fixed effects. For the random regression models, 159,366 observations of weight and 23,780 observations of scrotal circumference, obtained at 335 and 724 days of age of the animals and divided into classes at 10-day intervals, as well as 63,596 observations of age at first calving, were used. Random direct additive genetic, permanent environmental and residual effects and the fixed effects of contemporary group and age of cow at calving (linear and quadratic effect) were considered. A fixed curve was used to model the average trend of the population (quadratic) on the age classes. Four possible degrees of Legendre polynomials (zero, linear, quadratic and cubic) were tested and the quadratic polynomial was the most appropriate to describe the variances in the traits analyzed. Principal component and cluster analyses were performed to determine the existence of different growth patterns and to group bulls based on their breeding values for meat, milk and dual-purpose production. The estimated heritabilities were 0.23, 0.14, 0.16, 0.17, 0.21 and 0.22 for W305, W120, WW, YW, PWW and W24, respectively, suggesting that, for the growth traits, heritabilities increased with increasing age of the animals. The same trend was observed when random regression analysis was performed, with heritabilities ranging from 0.17 to 0.31. The genetic correlations between weights at different ages and milk yield were positive and of moderate to low magnitude, ranging from 0.27 to 0.38. These estimates suggest that selection for weight and W305 can be performed simultaneously in the same animals. Principal component analysis indicated the same trend as observed by the genetic correlations. Cluster analysis

showed the presence of bulls with different genetic profiles in the Guzerat breed, thus permitting selection for meat, milk or dual purpose. The genetic correlations between weights and scrotal circumference were positive and favorable (0.31 to 0.47), indicating that selection for increased weight will result in animals with greater scrotal circumference. The correlations between weights and age at first calving ranged from -0.56 to -0.38 and between scrotal circumference and age at first calving from -0.55 to 0.08, suggesting that the use of weight and scrotal circumference as selection objectives will result in the long-term reduction of age at first calving. The relative efficiency of selection indicated a greater response to indirect selection for age at first calving when selecting for scrotal circumference after 615 days of age, compared to the genetic gain obtained by direct selection for age at first calving.

Keywords: Cluster analysis. Cattle. Principal components. Genetic correlations. Legendre polynomial. Random regression.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 -	Autovalores e porcentagens das variâncias genéticas das características de produção de leite e pesos aos 120 dias, ao desmame, ao ano, ao sobreano e aos 24 meses de idade, explicadas pelos componentes principais.....	21
Figura 2 -	Gráfico bidimensional do componente principal 1 e componente principal 2 (CP1 vs CP2) para os valores genéticos preditos para as características de crescimento (VG_P120, VG_PD, VG_P365, VG_PSOBRE e VG_P24) e de produção de leite (VG_P305)	22
Figura 3 -	Dendrograma baseado nos valores genéticos para P120, PD, P365, PSOBRE e P24 de touros da raça Guzerá com filhos(as) com medidas de peso, obtido pela análise de agrupamento hierárquica pelo método de Ward. A linha horizontal indica a distância Euclidiana que divide os dados em três grupos.....	23
Figura 4 -	Médias padronizadas dos valores genéticos (VGs) para P120, PD, P365, PSOBRE e P24 de touros da raça Guzerá com filhos(as) com medidas de peso, obtidas por análise de agrupamento não-hierárquica pelo método K-means.....	24
Figura 5 -	Dendrograma baseado nos valores genéticos para P305, P120, PD, P365, PSOBRE e P24 de touros da raça Guzerá com filhos(as) com medidas de peso e produção de leite, obtido pela análise de agrupamento hierárquica pelo método de Ward. As linhas horizontais indicam as distâncias Euclidianas que dividiram os dados em dois (contínua), três (tracejada) e quatro (pontilhada) grupos.....	25
Figura 6 -	Médias padronizadas dos valores genéticos (VGs) para P305, P120, PD, P365, PSOBRE e P24 de touros da raça Guzerá com filhos(as) com medidas de peso e produção de leite, obtidas por análise de agrupamento não-hierárquica pelo método K-means, com dois (A), três (B) e quatro (C) grupos.....	26
Figura 7 -	Número de observações (barras) e média de peso (linha), em kg, de animais Guzerá, em função das classes de idade (dias).....	34
Figura 8 -	Número de observações (barras) e média de PE (linha), em cm, de animais Guzerá, em função das classes de idade (dias).....	35

Figura 9 -	Médias da distribuição a posteriori das variâncias genética (pontilhada azul), de ambiente permanente (tracejada vermelha) e fenotípica (contínua verde) para peso de animais Guzerá, em função das classes de idade (dias).....	36
Figura 10 -	Médias da distribuição a posteriori das variâncias genética (pontilhada azul), de ambiente permanente (tracejada vermelha) e fenotípica (contínua verde) para perímetro escrotal de animais Guzerá, em função das classes de idade (dias).....	37
Figura 11 -	Médias da distribuição a posteriori das estimativas de herdabilidade para peso (linha vermelha) e para PE (linha azul) de animais Guzerá, em função das classes de idade (dias)	38
Figura 12 -	Médias <i>a posteriori</i> das correlações genéticas entre pesos em função das classes de idade (dias)	40
Figura 13 -	Médias <i>a posteriori</i> das correlações genéticas entre perímetro escrotal (PE), em função das classes de idade (dias)	41
Figura 14 -	Médias <i>a posteriori</i> das correlações genéticas entre peso e perímetro escrotal (PE), em função das classes de idade (dias)	42
Figura 15 -	Médias <i>a posteriori</i> das correlações genéticas entre peso e perímetro escrotal, entre as mesmas classes de idade (dias)	42
Figura 16 -	Médias <i>a posteriori</i> das correlações genéticas entre peso e IPP (linha tracejada) e perímetro escrotal e IPP (linha contínua), em função das classes de idade (dias).....	44

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 -	Mudanças nas estimativas do -2 Log L, AIC e BIC e sua significância, causada pelo uso de diferentes modelos para a análise dos pesos em diferentes idades.....	14
Tabela 2 -	Resumo da estrutura dos dados para análises bicaracterísticas de peso aos 120 dias (P120), a desmama (PD), ao ano (P365), ao sobreano (PSOBRE) e aos 24 meses (P24) e produção de leite acumulada aos 305 dias (P305)....	17
Tabela 3 -	Estimativas de variâncias genéticas aditivas (σ^2_a), de ambiente permanente(σ^2_{pe}), residual(σ^2_e), fenotípica (σ^2_f) e herdabilidade (h^2) para produção de leite acumulada aos 305 dias (P305), peso aos 120 dias (P120), ao desmame (PD), ao ano (P365), ao sobreano (PSOBRE) e peso aos 24 meses (P24) em análises bicaracterísticas. Erro padrão entre parênteses.....	18
Tabela 4 -	Estimativas de correlações genéticas (1) e fenotípicas (2) entre produção acumulada de leite aos 305 dias (P305), peso aos 120 dias (P120), ao desmame (PD), ao ano (P365), ao sobreano (PSOBRE) e peso aos 24 meses (P24). Erro padrão entre parênteses.....	19
Tabela 5 -	Correlação dos valores genéticos das características em cada componente principal. As associações consideradas relevantes ($r =$ igual ou maior que 0,70 / igual ou menor que - 0,7) foram destacadas em negrito.....	21
Tabela 6 -	Valores do Deviance Information Criterion (DIC) e do logaritmo de verossimilhança (log L), para modelo empregando diferentes ordens dos polinômios ortogonais de Legendre.....	36
Tabela 7 -	Estimativa de resposta correlacionada (RC_2) e eficiência relativa de seleção (ER%) para idade ao primeiro parto (IPP), quando realizando seleção para peso (ER peso) e para perímetro escrotal (ER PE).....	45

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO	1
1. CONSIDERAÇÕES GERAIS.....	2
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	5
2.1 Correlações genéticas.....	5
2.2. Análise de agrupamento.....	6
2.3. Análise de componentes principais.....	6
2.4. Modelos de regressão aleatória.....	8
CAPÍTULO I - ASSOCIAÇÕES GENÉTICAS ENTRE PRODUÇÃO DE LEITE E CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E ANÁLISES MULTIVARIADAS EM ANIMAIS GUZERÁ	10
1. INTRODUÇÃO.....	11
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	12
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	17
4. CONCLUSÕES.....	27
CAPÍTULO II - ASSOCIAÇÕES GENÉTICAS ENTRE CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS E DE CRESCIMENTO EM ANIMAIS GUZERÁ UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA	28
1. INTRODUÇÃO.....	29
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	30
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	34
4. CONCLUSÕES.....	46
CONSIDERAÇÕES FINAIS	48
1. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	49
REFERÊNCIAS.....	50
ANEXO – Manuscrito.....	58

INTRODUÇÃO

1. CONSIDERAÇÕES GERAIS

A seleção de animais com maior potencial para produção depende do conhecimento das estimativas de parâmetros genéticos das características de interesse. Nos programas de melhoramento genético de bovinos de corte, comumente são estimados os componentes de variâncias e os valores genéticos para características de pesos ou ganho de peso em idades padrão, assim como para perímetro escrotal, dentre outras características importantes na produção de carne.

No Brasil, a raça Guzerá é utilizada para a produção de carne e de leite e é muito usada em cruzamentos com outras raças especializadas. Diversos estudos sobre seleção foram realizados com características de crescimento, como o peso e o ganho de peso. Entretanto, poucos são os estudos com produção de leite dessa raça que ocupa o segundo lugar entre as raças zebuínas com essa finalidade (SANTOS et al., 2013). Sua boa adaptação ao clima tropical, resistência à parasitas e boa concentração de sólidos no leite são algumas das características que conferem à raça capacidade para atender a mais de um objetivo de produção. Animais da raça Guzerá respondem aos diversos sistemas de produção, de acordo com a região e o nível de tecnologia empregado, demonstrando a sua ampla capacidade de utilização no rebanho nacional.

Com o objetivo de avaliar animais para a produção de leite, foi criado em 1994 o Programa Nacional de Melhoramento Genético de Guzerá Leiteiro (PNMGuL), desenvolvido para atender criadores com interesse em selecionar animais para produção de leite e dupla aptidão (PEIXOTO et al., 2010). Com o mesmo objetivo, a ABCZ introduziu em 1992 o PMGZ, programa que realiza avaliações genéticas de animais das raças zebuínas registradas pela associação. Desde 1976, informações de controle leiteiro e também de pesos são coletadas pela ABCZ, sendo a raça Guzerá responsável por 5,54% das informações de peso e 12,06% dos controles das lactações encerradas (ABCZ, 2017). Na raça Guzerá, há animais que participam tanto do programa de melhoramento genético para leite quando do programa de corte, e são denominados duplo provado.

Para a otimização da produção e, consequentemente, melhoria da eficiência e competitividade da raça, estudos das características de interesse econômico para corte, leite ou duplo propósito devem ser realizados com o objetivo de identificação e seleção dos animais geneticamente superiores. Além da resposta direta à seleção das características de interesse, a associação genética entre essas características pode colaborar para incrementar a resposta à seleção.

As características de crescimento são exemplos de medidas que se repetem ao longo da vida do animal e que mudam de forma contínua ao longo do tempo (MEYER, 2004). Tradicionalmente, as estimações dos componentes de variâncias para essas características são feitas utilizando modelos multicaracterísticas ou de repetibilidade. Para esses modelos, as medidas de pesos, por exemplo, são ajustadas para as idades padrão, resultando na formação de classes de idade, sendo as mais utilizadas o nascimento, aos 120 dias, desmama, ao ano, ao sobreano e aos 24 meses. Nesse tipo de análise, assume-se que cada peso em uma determinada idade é uma característica diferente da outra, sendo variáveis as covariâncias e as correlações genéticas entre os pesos nas diferentes idades. (BALDI; ALBUQUERQUE; ALENCAR, 2010).

Uma alternativa para modelar características repetidas são os modelos de regressão aleatória. Nessa abordagem, é possível estimar (co)variâncias e valores genéticos em qualquer momento do período estudado mesmo que o animal não tenha sido mensurado na idade de interesse. Adicionalmente é possível observar os padrões de crescimento e identificar a existência de períodos com maior variabilidade genética, buscando assim, realizar a seleção em um período que possa apresentar uma melhor resposta. Outra vantagem desse modelo está no uso de todas as informações disponíveis do animal e de seus parentes, resultando no aumento da acurácia das estimativas (MEYER, 2004).

Diversas espécies têm sido estudadas utilizando modelos de regressão aleatória tais como bovinos de leite (EL FARO e ALBUQUERQUE, 2003; PEREIRA; ELER; FERRAZ, 2016; SUCHOCKI et al., 2017), suínos (HOWARD et al., 2105), aves (MEBRATIE et al., 2017; VENTURINI et al., 2012.), bovinos de corte (FONSECA et al., 2016; SPEIDEL et al., 2016; ENGLISHBY et al., 2016), búfalos (FERREIRA et al., 2017) e cabras (OLIVEIRA et al., 2016). Características reprodutivas também foram estudadas utilizando essa abordagem (NISHIDA et al., 2006; SANTANA et al, 2015; BUABAN et al., 2016). Em geral, tem-se empregado os modelos de regressão sobre polinômios ortogonais de Legendre para características de produção (HOWARD et al., 2105; PEREIRA et al., 2016; MOTA et al., 2017).

Associações genéticas entre características de interesse podem ser estimadas a partir da estimação dos componentes de (co)variância por análises multicaracterísticas ou das funções de (co)variância por meio dos modelos de regressão aleatória.

A correlação genética entre duas características indica o grau de associação genética entre elas e tem papel importante no melhoramento genético, pois auxilia o processo de seleção de características de baixa herdabilidade, características de difícil mensuração e

características que se manifestam em apenas um dos sexos ou tardiamente na vida do animal. A correlação genética deve-se à ligação gênica, em especial o pleiotropismo, que é a ação gênica que indica que um gene afeta duas ou mais características. Se o gene estiver segregando, causará variação simultânea em todas as características que ele influenciar (SOUZA et al., 2004).

Características reprodutivas como a idade ao primeiro parto, normalmente apresentam baixa herdabilidade, mas são fundamentais para o sucesso das atividades produtivas com animais. O estudo das associações genéticas das características reprodutivas com características de peso e perímetro escrotal poderia auxiliar na melhora da resposta à seleção, de forma indireta.

Juntamente com as associações genéticas entre as características de interesse, o estudo dos padrões de crescimento em um período de idade pode auxiliar na identificação de animais que possuem um perfil genético ideal para o objetivo de seleção, o que pode ser estudado por meio de análises multivariadas, como as análises de componentes principais ou de agrupamento. A literatura demonstra o amplo uso dessa metodologia em diversos tipos de características e espécies, como em bovinos de leite (CRUZ et al., 2016), aves (VELOSO et al., 2016), ovinos (BIAGIOTTI et al., 2014; TEIXEIRA NETO et al., 2016), bovinos de corte (MUNIZ et al., 2014; HENRIQUE et al., 2015), dentre outras.

Ponderando-se a importância das características citadas acima para a raça Guzerá, as hipóteses do presente estudo são:

1- A raça Guzerá possui diferentes padrões de crescimento e produção de leite, devido a existência de diferentes perfis genéticos dos seus reprodutores, sendo capaz de responder à seleção para corte e para dupla aptidão.

2- A seleção para características de peso e perímetro escrotal em animais Guzerá acarreta, via resposta correlacionada, benefícios na precocidade sexual nas fêmeas.

Os objetivos do presente estudo foram:

1- Estimar parâmetros e correlações genéticas entre pesos de animais da raça Guzerá em diferentes idades e a produção de leite acumulada aos 305 dias de lactação por meio de análises multivariadas.

2- Identificar a existência de diferenças nos padrões de crescimento e produção de leite de reprodutores da raça utilizando análise de componentes principais e de agrupamento.

3- Estimar as funções de (co)variâncias, os parâmetros e associações genéticas entre peso, PE e IPP em animais da raça Guzerá, utilizando modelos de regressão aleatória com diferentes ordens de ajustes para os efeitos.

4- A partir das associações genéticas, identificar a melhor idade de realização da seleção dos animais para as características avaliadas.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. Correlações genéticas

As correlações genéticas entre os pesos, perímetro escrotal (PE) e idade ao primeiro parto (IPP), estimadas em diferentes idades, permite que a seleção dos animais seja realizada em idades mais novas, proporcionando uma maior eficiência produtiva e reprodutiva dos rebanhos. Usando polinômios de Legendre, Albuquerque e El Faro (2008), estimaram correlações genéticas de 0,98 (P365 X P550) em animais da raça Nelore. Boligon, Rorato e Albuquerque (2008), também estudando animais Nelore, estimaram correlação de 0,79 entre P365 e P550. Ferreira et al. (2017) estimaram correlações de 0,99; 0,98; 0,99 entre P365 e P450, P365 e P550, P450 e P550, respectivamente, em trabalho com a raça Guzerá.

Grupioni et al. (2015) estimaram valor de 0,87 ($\pm 0,04$) para a correlação genética entre PE365 e PE450 em animais da raça Guzerá. Santana et al. (2015) estimaram altas correlações genéticas entre PE de animais da raça Nelore, em diferentes idades, utilizando modelos de regressão aleatória. Nepomuceno et al. (2012) estimaram correlação genética de 0,88 entre PE e P365 e 0,89 entre PE e P550. Boligon, Rorato e Albuquerque (2007) encontraram valores de 0,28 para as correlações entre PE aos 12 meses e P365, e 0,29 para as correlações entre PE aos 18 meses e P365.

Para a correlação entre peso e IPP, Grupioni et al. (2015) estimaram valores de -0,41 ($\pm 0,12$) entre IPP e P365 e -0,23 ($\pm 0,14$) entre IPP e P450. Grossi et al. (2009) estimaram correlações de -0,38 e -0,33 entre IPP e P365 e IPP e P450, respectivamente. E entre PE e IPP, Santana et al. (2015) estimaram correlação de -0,30 entre PE e a IPP para novilhas expostas ao touro aos 24 meses e, correlações genéticas variando de -0,70 a -0,50 quando expostas aos 14 meses de idade, em animais Nelore. Para essa mesma raça, Boligon, Rorato e Albuquerque (2007) encontraram valores de -0,15 e -0,21 para correlações entre IPP e PE aos 12 e aos 18 meses de idade, respectivamente.

Juntamente com as associações genéticas, existem outras ferramentas que podem ser utilizadas no processo de seleção de animais geneticamente superiores. Dentre elas, as técnicas multivariadas como as análises de agrupamento e as de componentes principais auxiliam na exploração dos dados (valores genéticos estimados) e identificação de padrões, além de simplificar a estrutura do conjunto de dados.

2.2. Análise de Agrupamento

Esse tipo de análise tem por objetivo agrupar os animais baseado em um conjunto de variáveis, buscando-se a máxima homogeneidade dentro dos grupos e a heterogeneidade entre os grupos (HAIR et al., 2009).

Duas são as análises de agrupamento mais utilizadas, sendo uma denominada hierárquica e a outra não-hierárquica. A análise de agrupamento hierárquica é utilizada quando não há conhecimento prévio das informações do banco de dados, e é responsável por agrupar, com linhas, os animais similares para as características avaliadas. Como resultado desta análise, pode-se observar um dendrograma. Um dos métodos mais utilizados para a realização dessa análise é o Método de Ward (WARD, 1963), que resulta em agrupamentos de tamanhos similares, por buscar a minimização da variação interna dentro do grupo (HAIR et al., 2009).

Já com um conhecimento prévio dos dados, a partir da observação do dendrograma da análise hierárquica, realiza-se a análise de agrupamento não-hierárquica pelo método k-means (HARTIGAN; WONG, 1979). Essa análise reúne os animais em grupos previamente estabelecidos, com base na distância Euclidiana, utilizada para medir a distância entre indivíduos e o centro do grupo, chamado de centróide.

Sendo $x_1, x_2, \dots, x_p$ e $y_1, y_2, \dots, y_p$ os registros dos animais x e y , então $X = [x_1, x_2, \dots, x_p]$ e $Y = [y_1, y_2, \dots, y_p]$. A distância Euclidiana (d_{xy}) entre os indivíduos x e y pode ser calculada por:

$$d_{xy} = \sqrt{(x_1 - y_1)^2 + (x_2 - y_2)^2 + \dots + (x_p - y_p)^2} = \sqrt{\sum_{i=1}^p (x_i - y_i)^2}$$

A partir dos resultados da análise não-hierárquica, é possível a realização de gráficos que tornam fácil a visualização dos padrões apresentados pelos animais avaliados, por exemplo, o agrupamento dos animais com os valores genéticos semelhantes para as características de interesse.

2.3. Análise de Componentes Principais

A análise de componentes principais é um método que busca transformar o conjunto de variáveis aleatórias dependentes entre si, em outro conjunto de variáveis não correlacionadas, de modo que esse novo conjunto, chamado de componentes principais apresente variância máxima e sejam ortogonais entre si. Cada componente principal será uma

combinação linear das variáveis originais, porém, serão independentes. (MUNIZ et al, 2014). Os componentes principais genéticos são obtidos por uma reparametrização do modelo linear misto comumente usado nas avaliações genéticas, mesmo que os efeitos sejam correlacionados. Poucos componentes principais são, normalmente, necessários para explicar a grande parte da variação (MEYER; KIRKPATRICK, 2005). O modelo reparametrizado para a análise de componentes principais pode ser representado por:

$$y = X\beta + Z_1^*a^* + Z_2m + Wp + e$$

em que: $Z_1^* = Z_1 (I_N \otimes Q_m)$ e $a^* = (I_N \otimes Q_m)$, com $\text{Var}(a^*) = A \otimes I_m$, e $Q_m = E_m(\Lambda_m)^{1/2}$; E é matriz dos autovetores e_j ; Λ é a matriz diagonal dos autovalores λ_j ; e $\otimes$ é o produto direto entre matrizes. A matriz de (co)variâncias genéticas aditivas diretas (Σ_a) é decomposta em termos de E , sendo $\Sigma_a = E \Lambda E'$. Sendo λ_j e e_j ordenados de forma decrescente em relação a magnitude dos λ_j . Ocorre, então a substituição da matriz E por E_m , sendo essa nova matriz de ordem $k \times m$, correspondendo as m primeiras colunas de $E(e_1, \dots, e_m)$, e sendo k o número total de características da análise. Assim, são considerados apenas os m primeiros componentes principais (MEYER; KIRKPATRICK, 2005).

As variâncias dos componentes principais são chamadas de autovalor de um CP. E cada autovalor está associado a um autovetor (RENCHE, 2002). Os autovetores indicam a magnitude e a direção do vetor em relação à importância de cada característica avaliada dentro do CP. O primeiro componente principal (CP1) explicará a maior parte da variância genética aditiva total, o segundo componente principal (CP2) explicará a segunda maior parte da variância genética aditiva total e assim sucessivamente, até que toda a variância seja explicada.

Sendo p o número de variáveis presentes em um conjunto de dados, o CP_i é calculado por:

$$CP_i = a_{i1}X_1 + a_{i2}X_2 + \dots + a_{ij}X_j$$

em que: $i = 1, 2, \dots, 6$ e $j = 1, 2, \dots, 6$; a_{ij} é o j -ésimo coeficiente padronizado na j -ésima variável do i -ésimo componente principal; e X_j é o j -ésimo valor da variável original.

Os coeficientes padronizados foram calculados pela seguinte fórmula:

$$a_{ij} = \frac{\text{autovetor}_{ij}}{\sqrt{\text{autovalor}_j}}$$

O critério de Kaiser (1960) pode ser utilizado para a escolha do número de componentes principais, sendo o valor um que os componentes principais com autovalores acima de um explicariam o mais relevante da matriz de (co)variância genética.

2.4. Modelos de regressão aleatória

O modelo de regressão aleatória permite modelar uma trajetória de crescimento ou de produção das variações para cada indivíduo (regressão aleatória) a partir de uma trajetória média da população estudada (regressão fixa), ajustadas utilizando polinômios ordinários ou outras funções lineares (EL FARO; CARDOSO; ALBUQUERQUE, 2008). Essa abordagem permite considerar as alterações que as medidas repetidas de uma característica sofrem ao longo de um período de tempo de vida do animal avaliado, de forma contínua e gradual (MEYER, 2004; SCHAEFFER, 2004).

Propostas por Kirkpatrick, Lofsvold e Bulmer (1990), as funções de (co)variância são equivalentes das matrizes de covariância dos modelos multivariados. Os valores genéticos são estimados a partir dos coeficientes de regressão genética para qualquer idade dentro do período estudado, mesmo que o animal não possua medição na idade desejada. Algumas vantagens desse modelo são a possibilidade de seleção de animais jovens e a possibilidade de realizar as estimações sem o ajuste de idade, eliminando assim, uma fonte de erro (VAN DER WERF; SCHAEFFER, 1997). A função para estimar a covariância entre duas idades m e l pode ser escrita da seguinte forma:

$$f(a_m^*, a_l^*) = \sum_{i=0}^{k-l} \sum_{j=0}^{k-l} \phi_i(a_m^*) \phi_j(a_l^*) K_{ij}$$

em que: ϕ_i é o i -ésimo polinômio; k é a ordem do polinômio de ajuste; a^* são as idades ajustadas para a amplitude na qual o polinômio é definido; e K_{ij} são os elementos da matriz de coeficientes da função de covariâncias K .

Os polinômios ortogonais de Legendre (ϕ_k) foram utilizados por Kirkpatrick, Hill e Thompson (1994) para modelar as funções de covariâncias, e podem ser representados pela seguinte fórmula:

$$\phi = \frac{1}{2} \sqrt{\frac{2k+1}{2}} \sum_{m=0}^{\lfloor k/2 \rfloor} (-1)^m \binom{k}{m} \binom{2k-2m}{k} (a^*)^{k-2m}$$

em que: a^* são as idades ajustadas para a amplitude na qual o polinômio é definido [-1 a +1]; e $\lfloor \]$ indica que os valores da fração são arredondados para o menor valor inteiro mais próximo. Para padronização das idades, a seguinte fórmula pode ser utilizada:

$$a_i^* = \frac{2(a_i - a_{\min})}{a_{\max} - a_{\min}} - 1$$

em que: $a_{\max}$ e $a_{\min}$ são as idades máxima e mínima presentes no bando de dados.

O modelo de regressão aleatória, utilizando polinômios ortogonais de Legendre pode ser descrito da seguinte forma:

$$y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{k_a-1} \alpha_{im} \phi_m(a_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k_q-1} \delta_{im} \phi_m(a_{ij}^*) + \varepsilon_{ij}$$

em que: y_{ij} é o fenótipo do animal i no tempo j ; F é o conjunto de efeitos fixos; α_{im} e δ_{im} são os m -ésimos coeficientes de regressão aleatórios genético aditivos e de ambiente permanente do animal i ; e k_a e k_q são as ordens de ajuste dos polinômios aditivos e de ambiente permanente, respectivamente.

Assim sendo, pode-se estimar a covariância entre duas medidas (nos tempos j e j') de um animal i pela equação abaixo:

$$\begin{aligned} Cov(y_{ij}, y_{ij'}) &= \sum_{m=0}^{k_a-1} \sum_{l=0}^{k_a-1} \phi_m(a_{ij}^*) \phi_l(a_{ij'}^*) Cov(\alpha_{im}, \alpha_{il}) \\ &+ \sum_{m=0}^{k_q-1} \sum_{l=0}^{k_q-1} \phi_m(a_{ij}^*) \phi_l(a_{ij'}^*) Cov(\delta_{im}, \delta_{il}) + Cov(\varepsilon_{ij}, \varepsilon_{ij'}) \end{aligned}$$

em que: o primeiro termo da equação são as funções de covariâncias genética aditivas; o segundo termo são as funções de covariância de ambiente permanente; e o terceiro termo refere-se ao resíduo. Segundo Meyer (1998), o modelo de regressão aleatória é um caso especial de função de covariância e, portanto, os coeficientes de covariância podem ser estimados diretamente por esse método, usando a máxima verossimilhança restrita ou o amostrador de Gibbs, quando a abordagem for Bayesiana.

Especificamente para a aplicação do modelo de regressão aleatória no presente estudo, a ordem dos polinômios foi a mesma para modelar todos os efeitos aleatórios, portanto, $k_a = k_q$.

CAPÍTULO I
ASSOCIAÇÕES GENÉTICAS ENTRE PRODUÇÃO DE LEITE E
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E ANÁLISES
MULTIVARIADAS EM ANIMAIS DA RAÇA GUZERÁ

1. INTRODUÇÃO

A raça Guzerá, introduzida no Brasil no final do século XIX, foi inicialmente utilizada e selecionada para produção de carne. Entretanto, destaca-se por ocupar o segundo lugar entre as raças zebuínas com finalidade de produção de leite (FREITAS et al., 2010; SANTOS et al., 2013). Considerada uma raça de duplo propósito, apresenta grande capacidade de ganho de peso, boa adaptação ao clima tropical, resistência a parasitas e alta concentração de sólidos no leite o que confere ao Guzerá a capacidade de responder aos diversos sistemas de produção, de acordo com a região e o nível de tecnologia empregado, demonstrando a sua ampla capacidade de utilização no rebanho nacional (FREITAS et al., 2010, SANTOS et al., 2013).

As avaliações genéticas para a produção de leite tem sido realizadas pelo Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite (PNMGuL- Embrapa/ Centro Brasileiro de Melhoramento Genético do Guzerá) e tem empregado a produção acumulada aos 305 dias de lactação, porém a quantidade de informações disponíveis ainda é pequena quando comparada ao número de dados coletados para peso pelo programas de melhoramento da raça para corte. As avaliações genéticas com dados de pesos é realizada pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP, 2017) desde 1999 e pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ, 2017), realiza avaliações tanto para corte quanto para leite, já somando mais de 12 milhões de animais avaliados.

O estudo das características de interesse econômico para a produção de leite, carne ou duplo propósito e suas associações genéticas podem auxiliar na identificação e seleção de animais geneticamente superiores e na melhoria da eficiência, competitividade e lucratividade do sistema de produção com a raça.

A correlação genética entre duas características expressa a magnitude e a direção da associação entre elas e indica quais características podem ser usadas como critérios de seleção. Segundo Vercesi Filho et al. (2007), as características de produção de leite e carne apresentam associações genéticas negativas, com valores de moderado a alto, o que sugere um antagonismo genético entre essas características, indicando dificuldade de seleção de ambas em um mesmo animal. A literatura é escassa de trabalhos com as características de peso e produção de leite na raça Guzerá, sendo alguns resultados inconsistentes devido à pequena quantidade de dados analisados, o que resulta em baixa acurácia nos trabalhos apresentados.

Os objetivos desse trabalho foram estimar as correlações genéticas entre pesos corporais de animais da raça Guzerá e produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação além de identificar a existência de diferenças nos padrões de crescimento e produção

de leite de reprodutores da raça por meio de análises multivariadas.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Os dados de pesagens corporais em diferentes idades e de produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação (P305) dos animais da raça Guzerá usados nas análises são provenientes do arquivo mantido pela ABCZ, pertencentes aos Programas de Melhoramento Genético de Zebu de Leite (PMGZLEITE) e de corte (PMGZCORTE).

O presente estudo foi realizado com dados de 253.012 animais com informações de pesos aos 120 dias de idade (P120), ao desmame (PD), ao ano (P365), ao sobreano (PSOBRE) e aos 24 meses de idade (P24), sendo as pesagens realizadas entre os anos de 1975 e 2014. O banco de dados inicial continha menor quantidade de medidas do peso ao nascer quando comparado aos pesos nas demais idades e muitas inconsistências, e por isso essa característica não foi utilizada nas análises. O arquivo de dados de produção de leite incluiu 6.237 lactações encerradas (P305), pertencentes a 4.723 vacas, controladas entre 1983 e 2015.

Os pesos foram padronizados para a idade do animal na pesagem utilizando-se uma regressão linear do peso sobre a idade real por meio do PROC REG (SAS, 2008) e calculada a diferença da idade real em relação à idade de interesse. O peso padronizado foi determinado pelo peso real somado à diferença do peso na idade calculada, multiplicada pelo coeficiente de regressão linear estimado.

As análises para os pesos padronizados foram realizadas por meio de modelo animal em análises unicaracterísticas, que incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (GC) e a idade da vaca ao parto como covariável linear e quadrática. Os GC foram formados pela concatenação dos efeitos de rebanho, sexo, ano e mês de nascimento, ano e mês de pesagem, regime alimentar (a pasto, semi-confinado ou confinado) e condição de criação (mamando sem ordenha, mamando com ordenha, desmamado com ordenha), permanecendo apenas GC com no mínimo três observações. Foram excluídas observações com valores três vezes acima ou abaixo do desvio-padrão em relação à média da característica.

Os efeitos aleatórios incluídos nas análises dos pesos variaram de acordo com três modelos avaliados, sendo: M1 - efeito genético direto, M2 - efeito genético direto e ambiente permanente materno, M3 - efeito genético direto, ambiente permanente materno e genético materno. Os componentes de variância e covariância foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita, utilizando o programa computacional Wombat (MEYER, 2007).

A comparação dos modelos e identificação do modelo que melhor se ajustou aos dados para os pesos (P120, PD, P365, PSOBRE, P24) foi realizada pelo teste de razão da máxima verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* - LRT), descrito por Dobson (1990), que avalia a diferença entre os logaritmos das funções de verossimilhança restrita ($-2\log L$) obtidos nos modelos estudados, testando se a inclusão de efeitos aleatórios foi significativa. Também foram utilizados os critérios de Informação de Akaike (AIC) e de Informação Bayesiano de Schwarz (BIC), sendo que esses critérios penalizam os modelos mais parametrizados. O BIC é o critério mais rigoroso e, segundo Wolfinger (1993), favorece os modelos mais parcimoniosos.

Os valores para o Log L para o modelo mais parametrizado (M3) indicaram que houve problemas de convergência, uma vez que houve aumento do logaritmo da função de máxima verossimilhança (Tabela 1). O confundimento entre os efeitos de ambiente permanente e genético materno, assim como a possibilidade de haver algum efeito ambiental, pode ter dificultado a convergência. Segundo Meyer (2007), modelos que não incluem efeito materno podem conduzir a superestimativas da herdabilidade direta. Quando um dos efeitos maternos é utilizado no modelo, a maior parte da variação materna já está sendo considerada (Meyer, 1992). Outro ponto importante é que em bovinos de corte, a expressão da habilidade materna no desempenho do bezerro pode ser confundida com a expressão dos genes para crescimento herdados dos pais (PELICIONI; QUEIROZ; ALBUQUERQUE, 2003).

Com base nos testes utilizados (Tabela 1), o modelo M2 contendo os efeitos genético direto e de ambiente permanente materno foi o que melhor explicou as variações estudadas e, portanto, foi o escolhido para a realização das análises bicaracterísticas de peso e P305.

O modelo para a P305, utilizado nas análises bicaracterísticas, incluiu os efeitos fixos de GC e idade do animal ao parto (regressão linear e quadrática). Os GC foram constituídos pelos efeitos de rebanho, ano e estação do parto, permanecendo no arquivo as informações de GC com no mínimo três observações. As observações de P305 com valores três vezes acima ou abaixo do desvio-padrão em relação à média da característica foram excluídas. As idades ao parto variaram 23 a 200 meses, e foram mantidas informações de produção até a quarta lactação das vacas. Os efeitos aleatórios considerados nas análises para a P305 foram o genético aditivo e de ambiente permanente direto, além do efeito residual. Foi utilizado o mesmo arquivo de genealogia para todas as análises e, após o programa eliminar os animais que não possuíam conexões genéticas, os arquivos reduzidos de pedigree apresentaram 132.811, 98.472, 80.018, 66.470 e 54.814 animais para as análises bicaracterísticas da P305 com P120, PD, P365, PSOBRE, P24, respectivamente.

Tabela 1 - Mudanças nas estimativas do -2 Log L, AIC e BIC e sua significância, causada pelo uso de diferentes modelos para a análise dos pesos em diferentes idades.

120 DIAS				
	Log L	AIC	BIC	LRT
Modelo 1	-257821,248	-257823,248	-257832,498	
Modelo 2	-257680,021	-257683,021	-257696,896	282,454
Modelo 3	-257680,021	-257684,021	-257702,520	0
DESMAME				
	Log L	AIC	BIC	LRT
Modelo 1	-180309,301	-180311,301	-180320,108	
Modelo 2	-177685,954	-177688,954	-177702,148	229,886
Modelo 3	-180.194.358	-180198,358	-180215,972	<0
ANO				
	Log L	AIC	BIC	LRT
Modelo 1	-143622,281	-143624,281	-143632,799	
Modelo 2	-141817,053	-141820,053	-141832,813	66,948
Modelo 3	-143588,807	-143592,807	-143609,844	<0
SOBREANO				
	Log L	AIC	BIC	LRT
Modelo 1	-115541,357	-115543,357	-115551,623	
Modelo 2	-114180,548	-114183,548	-114195,93	35,146
Modelo 3	-115523,784	-115527,784	-115544,315	<0
24 MESES				
	Log L	AIC	BIC	LRT
Modelo 1	-84892,778	-84894,778	-84902,722	
Modelo 2	-83840,232	-83843,232	-83855,132	12,204
Modelo 3	-84886,676	-84890,676	-84906,565	<0

Fonte: Autoria própria.

O modelo utilizado nas análises bicaracterísticas para determinação das correlações genéticas entre os pesos em diferentes idades e a P305 pode ser descrito em termos matriciais como sendo:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} pe_1 \\ pe_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

em que: Y é o vetor de observações da característica (pesos em kg / P305 dias, em kg); β é o vetor dos efeitos fixos (GC e idade da vaca ao parto); a é o vetor do efeito genético aditivo direto; pe é o vetor do efeito de ambiente permanente materno (peso) ou direto (P305); X , Z e W são matrizes de incidência para β , a e pe , respectivamente; e é o vetor dos efeitos residuais.

As pressuposições para esse modelo foram $E[y] = X\beta$, $E[a]=0$, $E[pe]=0$ e $E[e]=0$ e as variâncias:

$$\begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ pe_1 \\ pe_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{a1}^2 & A\sigma_{a1a2} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ A\sigma_{a1a2} & A\sigma_{a2}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{pe1}^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_{pe2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_{e1}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_{e2}^2 \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} a1 \\ a2 \\ pe1 \\ pe2 \\ e1 \\ e2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A \sigma_{a1}^2 & A \sigma_{a1a2} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ A \sigma_{a1a2} & A \sigma_{a2}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I \sigma_{pe1}^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I \sigma_{pe2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I \sigma_{e1}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & I \sigma_{e2}^2 \end{bmatrix}$$

em que:

A é a matriz de parentesco, I a matriz identidade para produção de leite e peso, σ_{a1}^2 e σ_{a2}^2 as variâncias genéticas aditivas para produção de leite e pesos, σ_{a1a2} a covariância genética aditiva direta entre produção de leite e peso, σ_{pe1}^2 e σ_{pe2}^2 as variâncias de ambiente permanente direto (produção de leite) e materno (pesos) e σ_{e1}^2 e σ_{e2}^2 as variâncias residuais, respectivamente.

As análises multivariadas constituem-se de um conjunto de métodos estatísticos que possibilitam a análise simultânea de múltiplas medidas para cada indivíduo estudado. A análise de Componentes Principais (CP) foi uma das análises multivariadas realizada no presente estudo com o objetivo de descrever o conjunto de variáveis originais através da criação de um conjunto menor das variáveis latentes ortogonais (componentes principais) e verificar a participação de cada característica avaliada nos CP criados. Para isso, foram utilizados os valores genéticos (VG) padronizados de 389 touros que possuíam filhas participantes do controle leiteiro oficial e com um ou mais filho(a) com peso em pelo menos

uma das idades estudadas. A padronização dos valores genéticos z das seis características é dada pela fórmula:

$$z = \frac{(x - \bar{x})}{s}$$

em que: z é o valor padronizado de x ; $\bar{x}$ é a média; e s o desvio-padrão respectivo da característica.

O autovalor de um CP está associado à variação de todas as características incluídas nesse componente principal. E cada autovalor está associado a um autovetor (RENCHE, 2002). Os autovetores indicam a magnitude e a direção do vetor em relação à importância de cada característica avaliada dentro do CP. O primeiro componente principal (CP1) explicará a maior parte da variância genética aditiva total, o segundo componente principal (CP2) explicará a segunda maior parte da variância genética aditiva total e assim sucessivamente, até que toda a variância seja explicada.

Sendo p o número de variáveis presentes em um conjunto de dados (nesse trabalho, p corresponde a seis características, sendo elas peso aos 120 dias, ao desmame, ao ano, ao sobreano, peso aos 24 meses de idade e P305), o CP_i é calculado por:

$$CP_i = a_{i1}X_1 + a_{i2}X_2 + \dots + a_{ij}X_j$$

em que: $i = 1, 2, \dots, 6$ e $j = 1, 2, \dots, 6$; a_{ij} é o j -ésimo coeficiente padronizado na j -ésima variável do i -ésimo componente principal; e X_j é o j -ésimo valor da variável original. Os coeficientes padronizados foram calculados pela seguinte fórmula:

$$a_{ij} = \frac{\text{autovetor}_{ij}}{\sqrt{\text{autovalor}_j}}$$

A escolha do número de componentes principais foi feita com base no critério de Kaiser (1960), em que os componentes principais com autovalores acima de 1 (um) explicariam a maior parte da variação do conjunto de dados.

Outra análise multivariada realizada foi a de Agrupamento. O objetivo dessa análise foi verificar a existência de diferentes padrões de crescimento e de produção de leite nos reprodutores da raça presentes no arquivo de dados através da exploração dos seus perfis genéticos e a identificação de touros que contribuam para o melhoramento das características de interesse de acordo com o objetivo de seleção desejado (corte, leite ou duplo propósito). Foram realizadas duas análises de agrupamento hierárquicas e não hierárquicas distintas, sendo uma com os VG padronizados para os pesos nas cinco idades avaliadas, provenientes de 1.383 touros que possuíam filhos(as) com peso em uma ou mais idade, e uma segunda análise utilizando os VGs padronizados para os pesos juntamente com os VGs padronizados

para P305, provenientes de 389 touros com filhas participantes do controle leiteiro oficial e com um ou mais filhos(as) que possuíam a medida de peso em pelo menos uma das idades estudadas.

A análise hierárquica agrupa os animais de acordo com a similaridade entre as informações dos indivíduos avaliados. O método utilizado foi de Ward (1963) que resulta em agrupamentos de tamanhos semelhantes por minimizar a variação interna dos grupos (HAIR et al, 2009). As análises não hierárquicas utilizaram método K-Means com o objetivo de agrupar os animais em um número de grupos já previamente definido, por meio da visualização dos dendrogramas formados pelas análises hierárquicas (HAIR et al, 2009; SAVEGNAGO et al., 2016).

As análises de CP e de agrupamento foram realizadas no software Statistica 8 (2008).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Por meio da estrutura dos arquivos de dados para os pesos (Tabela 1) pode-se observar que ocorreu uma queda constante no número geral de observações de pesos com o avançar da idade dos animais, em decorrência do descarte que ocorre à medida em que os animais vão sendo mensurados e avaliados. Há uma superioridade muito grande das informações de pesos corporais em relação às informações para a produção de leite.

Tabela 2 - Resumo da estrutura dos dados para análises bicaracterísticas de peso aos 120 dias (P120), a desmama (PD), ao ano (P365), ao sobreano (PSOBRE) e aos 24 meses (P24) e produção de leite acumulada aos 305 dias (P305).

P305 X	P120	PD	P365	PSOBRE	P24
Intervalo (dias)	75 a 165	175 a 235	335 a 395	520 a 580	700 a 760
N. de observações	97.394	65.181	50.443	40.425	31.279
Leite	6.493	6.493	6.493	6.493	6.493
Pesos	90.901	58.688	43.950	33.932	24.786
Touros	4544	4231	3911	3606	3422
Vacas	50239	41925	36048	31358	27449
GC P305	567	567	567	567	567
GC peso	14786	9832	7390	5520	4189
Média P305 (kg)	2087,43	2087,43	2087,43	2087,43	2087,43
Desvio Padrão (kg)	1004,56	1004,56	1004,56	1004,56	1004,56
Média de peso (kg)	120,44	178,95	235,44	307,47	347,93
Desvio padrão (kg)	25,81	37,74	56,84	72,31	77,19

Fonte: Autoria própria.

A média de P305 na raça Guzerá pode ser considerada baixa, quando comparada a raças especializadas, possivelmente por ser a seleção para a produção de leite mais recente e esta raça possui suas origens nos rebanhos de corte. Outra explicação para a menor P305 média, está relacionada aos sistemas de criação predominantes para a raça Guzerá que são extensivos, localizados em regiões semi-áridas do Brasil. A média observada (Tabela 2) foi semelhante à apresentada em outros estudos realizados com a mesma raça (PEIXOTO et al., 2006). Para P120, o valor médio encontrado foi inferior ao apresentado por Pelicioni, Queiroz e Albuquerque (2003), para a raça Guzerá. Já as médias de PD, P365, PSOBRE e P24 foram superiores aos valores apresentados por Pimenta Filho et al. (2001), Mucari e Oliveira (2003) e Souza et al. (2004).

As estimativas de variâncias genéticas aditivas para os pesos (Tabela 3) apresentaram aumento proporcional em relação às variâncias fenotípicas, com o avanço da idade, resultando em herdabilidades mais altas para os pesos em idades maiores. A variância de ambiente permanente materno para os dados de peso representou uma proporção menor da variância fenotípica, com uma diminuição significativa principalmente após o animal completar um ano de vida. As maiores variâncias para os pesos ocorreram para as variâncias residuais e estas aumentaram com o avançar das idades.

Tabela 3 - Estimativas de variâncias genéticas aditivas ($\sigma^2 a$), de ambiente permanente ($\sigma^2 pe$), residual ($\sigma^2 e$), fenotípica ($\sigma^2 f$) e herdabilidade (h^2) para produção de leite acumulada aos 305 dias (P305), peso aos 120 dias (P120), ao desmame (PD), ao ano (P365), ao sobreano (PSOBRE) e peso aos 24 meses (P24) em análises bicaracterísticas. Erro padrão entre parênteses.

	$\sigma^2 a$	$\sigma^2 pe^*$	$\sigma^2 e$	$\sigma^2 f$	h^2
P305 **	139459 (0)	109229 (0)	357449 (9238,27)	606137 (9238,23)	0,23 (0,003)
P120	31,64 (2,20)	17,44 (1,04)	176,45 (1,67)	225,53 (1,35)	0,14 (0,01)
PD	64,49 (5,06)	39,15 (2,62)	303,50 (3,91)	407,14 (3,03)	0,16 (0,01)
P365	114,20 (9,55)	31,99 (4,49)	509,78 (7,42)	655,98 (5,59)	0,17 (0,01)
PSOBRE	190,57 (15,92)	40,09 (7,23)	654,27 (11,86)	884,93 (8,77)	0,21 (0,02)
P24	210,33 (20,25)	27,09 (9,73)	728,72 (11,06)	966,13 (11,06)	0,22 (0,020)

* ambiente permanente materno para as características de peso e ambiente permanente direto para P305.

** média dos valores estimados nas cinco análises bicaracterísticas realizadas.

Fonte: Autoria própria.

As herdabilidades estimadas para os pesos nas diferentes idades foram semelhantes ou próximas à literatura (PIMENTA FILHO et al., 2001; MUCARI; OLIVEIRA, 2003; PELICIONI; QUEIROZ; ALBUQUERQUE, 2003; SOUZA et al., 2004; COSTA; SANCHES; MUNARI, 2009; PELICIONI; ALBUQUERQUE; QUEIROZ, 2009). Para a P305, a herdabilidade estimada ($0,23 \pm 0,003$) foi semelhante a apresenta por Cruz et al. (2015), Santos et al. (2013, 2014) e Peixoto et al. (2006).

As correlações genéticas estimadas entre os pesos em diferentes idades e P305 foram positivas e de magnitude moderada a baixa (Tabela 4), indicando baixa associação entre os valores genéticos (VGs) das características, embora no mesmo sentido. A magnitude e o sinal das correlações genéticas parece estar associada com a origem dos dados (corte, leite ou de duplo propósito) e consequentemente aos objetivos de seleção.

Lin, McAllister e Lee (1985), estudando animais da raça Holandesa, estimaram correlações genéticas de $0,14 (\pm 0,32)$ e $0,40 (\pm 0,28)$ entre P305 e pesos entre os 350 e 462 dias de idade, e correlação negativa próxima a zero com o peso ao sobreano ($-0,07 \pm 0,37$), entretanto os erros padrões foram elevados. Segundo Oliveira, Bezerra e Bastos (1994), em estudos de fêmeas da raça Guzerá na primeira lactação, a correlação genética entre peso ao sobreano e a P305 foi negativa e próxima a zero ($-0,08 \pm 0,39$) e baixa e positiva para P24 ($0,12 \pm 0,33$) porém os resultados não foram significativos devido ao tamanho da população estudada. Em estudo com rebanho de bovinos de corte, Lee e Pollak (2002) encontraram antagonismo genético entre peso corporal ao desmame e ao ano e a produção de leite ($-0,13 \pm 0,04$ e $-0,17 \pm 0,03$), diferentemente do encontrado no presente estudo. Os resultados do presente trabalho sugerem que a seleção para aumento de peso e produção de leite na população estudada pode apresentar baixa resposta a seleção indireta, mas não apresenta antagonismo genético.

Tabela 4 - Estimativas de correlações genéticas (1) e fenotípicas (2) entre produção acumulada de leite aos 305 dias (P305), peso aos 120 dias (P120), ao desmame (PD), ao ano (P365), ao sobreano (PSOBRE) e peso aos 24 meses (P24). Erro padrão entre parênteses.

	P305 X P120	P305 X PD	P305 X P365	P305 X PS	P305 X P24
1	0,35 (0,09)	0,29 (0,10)	0,38 (0,19)	0,28 (0,11)	0,27 (0,11)
2	-0,01 (0,03)	0,04 (0,04)	0,12 (0,04)	0,02 (0,04)	0,05 (0,04)

Fonte: Autoria própria.

Uma possível explicação para as correlações estimadas, pode ser pelo fato de que mesmo os rebanhos que selecionam para P305, tem origem em rebanhos com objetivo de

seleção para corte, além de representar uma parcela menor de criadores, quando comparada aos rebanhos de Guzerá para corte no Brasil. Os programas de melhoramento genético para P305 são mais recentes que os programas para corte e portanto, os resultados da seleção para peso são mais consistentes que os resultados para P305.

As estimativas de correlações fenotípicas foram baixas ou próximas a zero (Tabela 4). Os valores estimados nesse trabalho indicam pequena relação entre peso e produção de leite, sendo o sistema de produção uma possível explicação para essa baixa magnitude. No sistema de produção de leite, a cria permanece sem contato com a vaca, exceto na ordenha para o estímulo para a descida do leite. A ingestão de leite pelas crias é proveniente do consumo do leite residual após a ordenha, pelo fornecimento de mamadeira ou ainda pela reserva de um quarto do úbere da mãe para o consumo do bezerro, dependendo do manejo do rebanho. Dessa forma, o leite consumido pelo bezerro é limitado pelo manejo e não pela habilidade genética de produção da matriz. Em sistema de produção com objetivo exclusivo para corte, as crias permanecem junto às matrizes até o desmame, sem restrição à quantidade de leite ingerido, o que pode levar a animais mais pesados, que serão posteriormente, os animais selecionados para crescimento.

A análise de CP, realizada com os valores genéticos padronizados preditos para os touros com filhas participantes do controle leiteiro oficial e com filho(a) com peso em pelo menos uma das idades estudadas, indicou que dois componentes principais foram suficientes para modelar a estrutura de covariâncias genéticas entre as características estudadas. A soma dos dois primeiros autovalores, referentes à matriz de covariâncias genéticas aditivas, explicou 86,74% da variação genética total entre as características (Figura 1), sendo que o CP 1 explicou 70,74% da variância e foi fortemente influenciado pelas características de crescimento (pesos). A P305 apresentou maior participação no CP2, explicando 16% da variação genética total.

Figura 1 - Autovalores e porcentagens das variâncias genéticas das características de produção de leite e pesos aos 120 dias, ao desmame, ao ano, ao sobreano e aos 24 meses de idade, explicadas pelos componentes principais.

Fonte: Autoria própria.

Na Tabela 5, são apresentadas as correlações entre os VGs para as características com os componentes principais. O CP 1 apresenta altas correlações com os VGs das características de crescimento (pesos nas diferentes idades), enquanto o VG para a P305 apresenta maior correlação com o CP2. A colaboração do VG para 305 no CP 1 indica baixa resposta à seleção, quando as características de peso forem utilizadas como objetivos de seleção.

Tabela 5 - Correlação dos valores genéticos das características em cada componente principal. As associações consideradas relevantes ($r =$ igual ou maior que 0,70 / igual ou menor que - 0,7) foram destacadas em negrito.

Característica	CP 1	CP 2
VG_P305	-0.230078	-0.973029
VG_P120	-0.875234	0.018250
VG_PD	-0.926044	0.060334
VG_P365	-0.934790	0.050158
VG_PSOBRE	-0.926221	0.056287
VG_P24	-0.914443	0.057966

Fonte: Autoria própria.

Na Figura 2, observa-se as relações entre os valores genéticos das características avaliadas. O comprimento e a direção dos vetores das variáveis do CP 1 sugerem que, quando escolhida uma idade para realizar a seleção para aumento do peso, uma resposta à seleção positiva e no mesmo sentido deve ocorrer para peso nas demais idades e, portanto, espera-se uma alta resposta correlacionada entre as características de pesos. A correlação entre o CP1 (pesos) e o CP2 (P305) indicou que as variáveis do eixo CP1 apresentam baixa associação genética com a variável do CP2. Essa baixa associação genética também pode ser verificada nas estimativas descritas na Tabela 4.

Figura 2 - Gráfico bidimensional do componente principal 1 e componente principal 2 (CP1 vs CP2) para os valores genéticos preditos para as características de crescimento (VG_P120, VG_PD, VG_P365, VG_PSOBRE e VG_P24) e de produção de leite (VG_P305).

Fonte: Autoria própria.

As análises de agrupamento buscam complementar as análises dos CP, com maior detalhamento a partir da formação de grupos específicos de animais que poderiam atender diferentes objetivos de seleção. O resultado da análise hierárquica realizada com os VG padronizados para os pesos nas cinco idades estudadas, provenientes de 1.383 touros que possuíam filhos(as) com peso em uma ou mais idade está representado na forma de

dendrograma (Figura 3). A partir da observação do dendrograma, uma análise não-hierárquica pelo método k-means foi realizada determinando-se, previamente, a divisão dos animais em 3 grupos (Figura 4).

Figura 3 - Dendrograma baseado nos valores genéticos para P120, PD, P365, PSOBRE e P24 de touros da raça Guzerá com filhos(as) com medidas de peso, obtido pela análise de agrupamento hierárquica pelo método de Ward. A linha horizontal indica a distância Euclidiana que divide os dados em três grupos.

Fonte: Autoria própria.

A Figura 4 apresenta o resultado das médias dos VG padronizados dos animais pertencentes aos três grupos determinados, pela análise não hierárquica. Os animais pertencentes aos grupos 1 (544 touros) e 2 (492 touros) reúnem os animais com os VGs próximos ou inferiores à média da população estudada, indicando que esses touros não apresentam potencial genético para melhoramento das características de interesse e sugere-se não utilizar esses animais como reprodutores. O grupo 3 reúne os 347 touros com os maiores VGs para as características de pesos nas idades estudadas, sendo os touros que apresentam maior indicação para serem os reprodutores das futuras gerações, quando a seleção tiver como objetivo a produção de carne.

Figura 4 - Médias padronizadas dos valores genéticos (VGs) para P120, PD, P365, PSOBRE e P24 de touros da raça Guzerá com filhos(as) com medidas de peso, obtidas por análise de agrupamento não-hierárquica pelo método K-means.

Fonte: Autoria própria.

Os resultados dessas análises indicam que os animais do grupo 3 apresentam elevado potencial genético para produção de carne, pois estes foram geneticamente superiores em relação à média da população para peso nas cinco idades estudadas.

A partir da análise hierárquica realizada com os VGs padronizados para os pesos nas cinco idades estudadas juntamente com os VGs padronizados para P305 pertencentes aos touros com filhas em controle leiteiro oficial e com um ou mais filhos (as) com a medida de peso em pelo menos uma das idades estudadas, foi gerado um dendrograma (Figura 5).

Figura 5 - Dendrograma baseado nos valores genéticos para P305, P120, PD, P365, PSOBRE e P24 de touros da raça Guzerá com filhos(as) com medidas de peso e produção de leite, obtido pela análise de agrupamento hierárquica pelo método de Ward. As linhas horizontais indicam as distâncias Euclidianas que dividiram os dados em dois (contínua), três (tracejada) e quatro (pontilhada) grupos.

Fonte: Autoria própria.

Com base na visualização dos agrupamentos apresentados no dendrograma gerado pela análise hierárquica (Figura 5), foi realizada a divisão em 3 distâncias Euclidianas distintas para as análises não hierárquicas pelo método K-means, sendo essas divisões em 2, 3 e 4 grupos (representadas pelas linhas horizontais na Figura 5). Os resultados das análises não hierárquicas estão apresentados na Figura 6. As Figuras 6A e 6B mostram a divisão em dois e três grupos, respectivamente, onde é possível identificar perfis genéticos distintos para os animais, em especial caracterizando os animais com VGs superiores, inferiores ou próximos à média da população estudada para as características.

Figura 6 - Médias padronizadas dos valores genéticos (VGs) para P305, P120, PD, P365, PSOBRE e P24 de touros da raça Guzerá com filhos(as) com medidas de peso e produção de leite, obtidas por análise de agrupamento não-hierárquica pelo método K-means, com dois (A), três (B) e quatro (C) grupos.

Fonte: Autoria própria.

A Figura 6C, com divisão em 4 grupos, foi a mais informativa e mostrou maior detalhamento dos grupos formados, permitindo a melhor visualização dos diferentes perfis genéticos dos touros. Os grupos 1 e 2 representam os animais com maior potencial de seleção para peso, sendo que os animais eleitos para reprodução devem ser os que compõe o grupo 2. Observa-se que as tendências possuem o mesmo formato e para ambos os grupos, a P305 possui média negativa ou próxima a zero. Os grupos 3 e 4 representam melhor os animais com aptidão para produção de leite, sendo os animais que compõem o grupo 4 os que apresentam os maiores VGs para P305 e, portanto, os animais que devem ser utilizados como reprodutores das próximas gerações quando o objetivo de seleção for leite ou duplo propósito.

4. CONCLUSÕES

Os parâmetros genéticos estimados para a produção de leite e para pesos em diferentes idades indicam potencial de ganho genético por meio de seleção direta. As correlações genéticas entre as diferentes idades para peso e P305 foram positivas, mas de baixa magnitude, sugerindo que a seleção para peso e produção de leite pode ser realizada simultaneamente nos mesmos animais.

Por possuir diferentes padrões de crescimento e produção de leite, a raça Guzerá apresenta potencial genético para atender aos diferentes objetivos de seleção, seja ele a produção de carne, leite ou para produzir animais de duplo propósito, conforme indicaram as análise de componentes principais e de agrupamento.

CAPÍTULO II

ASSOCIAÇÕES GENÉTICAS ENTRE CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS E DE CRESCIMENTO EM ANIMAIS GUZERÁ UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

1. INTRODUÇÃO

Muito utilizadas em programas de melhoramento genético de rebanhos de corte, as características de crescimento e o perímetro escrotal apresentam fácil mensuração e são de extrema importância para determinar a eficiência do sistema de produção. Assim como o peso e o perímetro escrotal, as características reprodutivas também exercem grande influência no sucesso do sistema de produção e recebem cada vez mais atenção de criadores e pesquisadores.

A seleção para peso, realizada em animais jovens, diminui o tempo de permanência no rebanho dos animais que não serão utilizados para reprodução, antecipa a escolha dos futuros reprodutores e, como consequência, reduz o intervalo de geração, aumentando o ganho genético anual. Entretanto, a escolha de animais jovens com maior peso, pode resultar em animais excessivamente pesados na idade adulta (BOLIGON; ALBUQUERQUE; RORATO, 2008), trazendo problemas reprodutivos, de saúde e de ordem econômica.

A medida do perímetro escrotal (PE) tem sido utilizada como critério de seleção, pela sua fácil mensuração e por apresentar herdabilidade de magnitude média a alta (FERREIRA et. al., 2017). Estudos apontam que PE apresenta correlações negativas e favoráveis com idade da puberdade em machos e idade ao primeiro parto (IPP) em fêmeas e, correlações positivas com as características de crescimento (NEPOMUCENO et. al., 2012; GRUPIONI et al., 2015). Entretanto, na literatura também encontra-se variação nas correlações genéticas entre PE e as características reprodutivas nas fêmeas (CAMMACK; THOMAS; ENNS, 2009), que pode ser em decorrência da idade na qual as mensurações são realizadas (GRESSER; BERGMANN; PEREIRA, 2000; ELER et al., 2006; SANTANA et al., 2015).

A IPP é uma característica que pode ser usada para medir a eficiência reprodutiva das fêmeas. Esta característica sofre grande influência do rebanho, uma vez que a exposição das fêmeas à reprodução, o manejo nutricional e a utilização de estação de monta, por exemplo, são determinantes para a expressão da IPP. Por sofrer a grande influência do ambiente, apresenta baixa herdabilidade, como mostram estudos realizados por Boligon, Rorato e Albuquerque (2007) com animais Guzerá, cujas estimativas variaram de, 0,11 a 0,14; Grupioni et al. (2015) estimaram valor de $0,15 \pm 0,03$; e Santana et al. (2015), encontraram estimativas de 0,15 e 0,25, quando novilhas da raça Nelore foram expostas ao touro com 24 meses e com 14 meses, respectivamente.

Apesar das baixas estimativas de herdabilidade, devido à sua importância econômica, a IPP deve ser considerada na seleção dos animais. Uma forma de utilização da IPP com maior eficiência pode ser através da correlação genética com outra característica de interesse,

como por exemplo o peso e o PE. O estudo de associações genéticas entre características de crescimento e reprodução poderá auxiliar na determinação de objetivos e de índices de seleção mais apropriados para incrementar o ganho com melhoramento genético para a produção de carne (NEPOMUCENO et al., 2012).

Peso e PE são características que podem ser mensuradas diversas vezes ao longo da vida dos animais (dados longitudinais) e podem sofrer alterações nas suas expressões gênicas com o passar do tempo. Os modelos de regressão aleatória (MRA) possibilitam o estudo dessas características, pois permitem estimar parâmetros genéticos em qualquer momento da curva de crescimento ou da medição da característica de interesse e seu uso pode resultar na melhoria da acurácia e da resposta à seleção dessas características (SARMENTO et al., 2008). A partir de uma curva média da população, os MRA podem ajustar curvas da característica estudada para cada indivíduo. Nos MRA, as trajetórias fixas e aleatórias são comumente modeladas por polinômios ortogonais de Legendre (ALBUQUERQUE; EL FARO, 2008).

O conhecimento das correlações genéticas entre peso, PE e IPP é de fundamental importância para estimar as respostas correlacionadas e realizar a seleção dos animais o mais precocemente possível. Assim, este trabalho foi realizado com o objetivo de estimar os parâmetros genéticos e as associações genéticas entre peso, PE e IPP em animais da raça Guzerá, aplicando-se modelos de regressão aleatória com diferentes ordens de ajustes para os efeitos, e identificar a melhor idade de realização da seleção dos animais.

2. MATERIAL E MÉTODOS

No presente estudo foram analisadas 159.366 observações de pesos e 23.780 de PE mensuradas entre 335 e 724 dias de idade, e 63.596 de IPP, mensuradas no período de 1975 a 2014. Os dados são provenientes da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) e fazem parte do Programa de Melhoramento Genético de Zebu de Corte (PMGZCORTE). A organização e a consistência dos arquivos de dados foram realizadas utilizando o pacote estatístico SAS (2008).

Para ajuste dos modelos de regressão aleatória, as características peso e PE foram consideradas em classes de idade com intervalo de 10 dias. A primeira classe foi denominada 344, compreendendo a idade entre 335 e 344 dias de vida do animal. Assim sucessivamente, as classes receberam o nome do último dia que ela representa, até a classe 764. Após a verificação da frequência de observações por classe, permaneceram 39 classes, com no mínimo 400 observações por classe de idade para peso e 100 observações por classe de idade para PE. A IPP média foi de 1.270,90 dias e variou de 671 a 1.830 dias (22 a 60 meses).

O grupo de contemporâneos (GC) para peso foi definido como rebanho, sexo, ano e mês de nascimento, ano e mês da pesagem, regime alimentar (a pasto, semi-confinado, confinado e não informado) e condição de criação (mamando sem ordenha, mamando com ordenha, desmamado com ordenha e não informado), e para PE o GC incluiu rebanho, estação de nascimento, ano de nascimento e ano e mês de medição. Para todos os GC foi imposta a condição de conter, no mínimo, três observações. A idade da vaca ao parto foi considerada como covariável linear e quadrática para peso e PE e variou de 23 a 200 meses. Para a característica IPP, o GC incluiu rebanho, ano e estação de nascimento. Foram excluídas do GC observações com valores de 3 desvio-padrão acima ou abaixo em relação à média da característica, resultando em 16.489 GCs para peso, 1530 GCs para PE e 8.034 GCs para IPP. Os efeitos usados nos GCs foram analisados pelo PROC GLM (SAS,2008) e mostraram influência significativa nas características.

As análises foram realizadas empregando quatro modelos de regressão aleatória bi-características (PE e pesos), contendo efeitos aleatórios genéticos aditivos e de ambiente permanente direto, de acordo com os graus de polinômios de Legendre (apenas intercepto, linear, quadrático e cúbico), a fim de determinar qual ordem melhor explicaria as variâncias das características analisadas. O modelo contendo apenas o intercepto corresponde ao modelo de repetibilidade. Para cada análise, foi considerado o mesmo grau do polinômio de Legendre para todos os efeitos aleatórios estudados, para ambas as características. A variância residual foi considerada homogênea. Os efeitos fixos incluídos nos modelos foram GC, os efeitos linear e quadrático idade da vaca ao parto e a curva fixa para modelar a tendência média da população (quadrática) sobre as classes de idade (CL). IPP foi analisada conjuntamente com PE e pesos, e o modelo incluiu como aleatórios os efeitos genético aditivo, ambiente permanente além do efeito residual.

O modelo de regressão aleatória utilizado pode ser descrito como:

$$y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{Kb-1} \beta_m \phi_m(t_i) + \sum_{m=0}^{Ka-1} \alpha_{jm} \phi_{jm}(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{Kp-1} \rho_{jm} \phi_{jm}(t_{ij}) + E_{ij}$$

em que: y_{ij} é o valor observado da característica (peso, PE) na i -ésima classe de idade, do j -ésimo animal; F é o conjunto de efeitos fixos incluindo a covariável idade da vaca ao parto (linear e quadrática); β_m são os coeficientes de regressão para modelar a trajetória média da população; $\phi_m(t_i)$ é a função de regressão de ordem Kb que descreve a curva média da população para a idade do animal (t_i); $\phi_{jm}(t_{ij})$ são as funções de regressão para descrever as

trajetórias de cada animal j , para a classe de idade (t_i), para os efeitos aleatórios (genético aditivo direto a e ambiente permanente p); α_{jm} e ρ_{jm} são m os regressores aleatórios (genético aditivo direto e de ambiente permanente) para cada animal j ; Kb , Ka e Kp são as ordens de polinômios correspondentes à curva média, aos efeitos aleatórios, respectivamente; E_{ij} é o erro aleatório associado a cada animal j na classe de idade i . O modelo pode ser representado na forma matricial por:

$$y = Xb + Za + Wp + e$$

em que: y é o vetor das observações; b é o vetor dos efeitos fixos; a é o vetor de soluções para os coeficientes de regressão aleatória genético aditivo direto; p é o vetor de soluções para os coeficientes de regressão aleatória de ambiente permanente; X , Z e W são matrizes de incidência de b , a e p , respectivamente e e é o vetor dos resíduos.

As pressuposições para esse modelo são:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad V \begin{bmatrix} a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Ka \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & Kp \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

em que: Ka e Kp são matrizes de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios genético direto e de ambiente permanente, respectivamente; A é a matriz de parentesco; I é a matriz Identidade; $\otimes$ é o produto de Kroeneker entre matrizes; e R é a matriz de variâncias residuais.

Para os dados de IPP, o modelo utilizado foi:

$$y = Xb + Za + e$$

em que: y é o vetor das observações; b é o vetor dos efeitos fixos; a é o vetor dos valores genéticos de cada animal; X e Z são as matrizes de incidência dos efeitos fixos e genético, respectivamente; e e é o vetor de efeitos residuais. As pressuposições para esse modelo de IPP são

$$E(Y) = X\beta$$

$$E(a) = 0 \text{ e } E(e) = 0$$

$$V \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

em que: A é matriz de parentesco genético aditivo; I é a matriz Identidade; σ_a^2 é a variância genética aditiva; e σ_e^2 é a variância residual. A matriz de parentesco foi a mesma para todas as análises e incluiu 153.657 animais.

As funções de (co)variâncias entre os coeficientes de regressão aleatória foram estimadas por meio de inferência Bayesiana, utilizando o método do amostrador de Gibbs, do

programa GIBBS2F90 (MISZTAL et al., 2002). As pressuposições acerca das distribuições *a priori* assumidas para os parâmetros do modelo foram:

$$\begin{aligned}\beta &\propto \text{constante} \\ a|A, \sigma_a^2 &\sim N(0, A\sigma_a^2) \\ p|\sigma_p^2 &\sim N(0, I\sigma_p^2) \\ \sigma_a^2|v_a, S_a^2 &\sim SIC(v_a, v_a\sigma_a^2) \\ \sigma_p^2|v_p, S_p^2 &\sim SIC(v_p, v_p\sigma_p^2) \\ \sigma_e^2|v_e, S_e^2 &\sim SIC(v_e, v_e\sigma_e^2)\end{aligned}$$

em que: N e SIC indicam a distribuição normal e chi-quadrado invertida escalonada, respectivamente; v_a , S_a^2 , v_p , S_p^2 , e v_e , S_e^2 representam os graus de confiança e os valores da distribuição *a priori* para as variâncias genética aditiva, de ambiente permanente, e residual das características, respectivamente. Foi assumida *priori* não informativa para todos os parâmetros.

As inferências sobre os parâmetros estudados foram realizadas a partir das amostras das distribuições marginais posteriores. Para cada um dos quatro modelos analisados, foram realizadas 450.000 iterações, com *burn-in* de 100.000 ciclos e intervalo de descarte amostral de 25. A verificação das convergências das cadeias geradas baseou-se em análises gráficas das estimativas $\times$ iterações utilizando o programa POSTGIBBSF90 (MISZTAL et al., 2002). Os critérios utilizados para comparação dos modelos foram o logaritmo de verossimilhança ($\log L$) e o *Deviance Information Criterion* (DIC). O DIC pode ser representado da seguinte maneira:

$$DIC = D\theta + p_D = 2D\theta - (\theta)$$

em que: $D\theta = E_{\theta|y} [D(\theta)]$ é a esperança da distribuição *a posteriori* da *deviance* bayesiana; $D\theta = -2\log p(y|\theta)$ indica a qualidade de ajuste do modelo avaliado. O número efetivo de parâmetros indica a penalização para o aumento da complexidade do modelo: $p_D = D\theta - D(\theta)$, onde θ é o vetor de parâmetros do modelo; e $D(\theta)$ é a *deviance* bayesiana avaliada com base nas médias da distribuição *a posteriori* dos parâmetros estudados. Ao comparar modelos pelos critérios citados, optou-se pelo modelo com os menores valores de $\log L$ e DIC, pois este é o modelo que melhor ajustou as variações dos dados. Após a definição do melhor modelo, foi utilizado o PROC IML (SAS, 2008) para calcular os parâmetros e as correlações genéticas.

O ganho genético direto para IPP, assim como as respostas correlacionadas e a eficiência relativa de seleção foram calculados para IPP considerando-se a seleção para os pesos ou PE. Nas fórmulas a seguir foi usada a mesma intensidade de seleção para ambas as

características:

$$\Delta G = h^2 i_1 \sigma_1$$

$$RC_2 = r_a h_1 h_2 i_1 \sigma_2$$

$$ER = (RC_2 / \Delta G) \times 100,$$

em que: ΔG é o ganho genético por seleção direta da característica 1; RC_2 é o ganho genético da característica 2 quando feita a seleção para a característica 1 (pesos ou PE); σ é o desvio padrão fenotípico da característica; i é a intensidade de seleção aplicada para a característica a ser selecionada; r_a é a correlação genética entre as características 1 e 2; e ER é a eficiência relativa de seleção (HERRERA et al., 2008).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias de peso dos animais e o número de observações por classe de idade estão apresentados na Figura 7. O número de informações de pesagens apresentou queda com o aumento da idade, uma vez que a seleção para peso ocorre, principalmente, ao sobreano. O peso médio aumentou de forma linear com o avanço da idade, tendo uma pequena queda nas últimas classes de idade, o que pode ser consequência do menor número de observações nesse período, ou devido a efeitos sazonais. É importante ressaltar, que nesse intervalo de idade, ocorre seleção, venda, descarte de animais e a não realização da pesagem dos animais mais velhos por opção do criador, resultando assim, na queda do número de animais mensurados.

Figura 7 - Número de observações (barras) e média de peso (linha), em kg, de animais Guzerá, em função das classes de idade (dias).

Fonte: Autoria própria.

As médias do PE dos animais e o número de observações por classe de idade estão apresentados na Figura 8. O número de informações estudadas foi menor nas idades mais avançadas, da mesma forma que para os pesos corporais. A média de PE aumentou de forma linear com o avanço das classes de idade, seguindo a mesma tendência do peso. Pode-se observar nesse trabalho (Figuras 7 e 8) que o desenvolvimento testicular acompanha o crescimento dos animais de forma semelhante e progressiva.

Figura 8 - Número de observações (barras) e média de PE (linha), em cm, de animais Guzerá, em função das classes de idade (dias).

Fonte: Autoria própria.

Para a característica de IPP, a média calculada foi de $1.270,90 \pm 238,84$ dias, superior a encontrada por Boligon, Rorato e Albuquerque (2007), de $1.104,3 \pm 111,9$ dias em novilhas Nelore expostas à reprodução ao redor de 27 meses de idade, em comparação com o presente estudo que considerou a exposição à reprodução a partir dos 22 meses de idade. Santana et al. (2015) encontraram valor inferior quando as fêmeas foram expostas aos 24 meses ($1.077,70 \pm 84,18$ dias).

Os valores dos critérios utilizados para comparação dos modelos estão apresentados na Tabela 6, e indicaram como mais adequado para descrever as variâncias das características analisadas, o modelo que empregou polinômios de Legendre de ordem quadrática. Segundo Meyer (2003), uma regressão quadrática para todos os efeitos aleatórios pode ser uma escolha sensível e conservadora e, se usados polinômios de alto grau, pode haver dificuldades de convergência e erros nas estimativas das variâncias. Nesse estudo o uso de um polinômio quadrático justifica-se, pela amplitude do período estudado variar entre 1 e 2 anos de idade.

Tabela 6 - Valores do *Deviance Information Criterion* (DIC) e do logaritmo de verossimilhança (log L), para modelo empregando diferentes ordens dos polinômios ortogonais de Legendre.

Grau do polinômio de Legendre (nº de parâmetros)	DIC	log L
Intercepto (1)	3728838,19	3690315,26
Linear (2)	3556795,30	3514157,26
Quadrático (3)	3432967,42	3423249,47
Cúbico (4)	3529481,07	3423497,00

As variâncias genéticas, de ambiente permanente e fenotípicas para a característica peso apresentaram comportamento ascendente com o aumento da idade (Figura 9). A variância residual estimada para peso foi 83,917 kg². Observa-se que, com o aumento da idade, a participação da fração genética tende a ter uma expressão maior, se observado juntamente com a curva de variância fenotípica.

Figura 9- Médias da distribuição *a posteriori* das variâncias genética (pontilhada azul vermelha verde), de ambiente permanente (tracejada) e fenotípica (contínua) para peso de animais Guzerá, em função das classes de idade (dias).

Fonte: Autoria própria.

O comportamento ascendente das variâncias também foi observado para o PE (Figura 10), entretanto, observa-se maior proximidade dos valores das variâncias genéticas e de ambiente permanente em idades mais jovens, e a formação de um platô entre as classes 554 e 614, voltando a aumentar até o final do período estudado. A variância residual estimada para PE foi de 1,32 cm². Para IPP, que é uma característica com apenas uma ocorrência na vida do

animal, as estimativas foram 235,20; 3.083,30 e 3.318,50 dias² para as variâncias genética, residual e fenotípica, respectivamente.

Figura 10 - Médias da distribuição *a posteriori* das variâncias genética (pontilhada azul), de ambiente permanente (tracejada vermelha) e fenotípica (contínua verde) para perímetro escrotal de animais Guzerá, em função das classes de idade (dias).

Fonte: Autoria própria.

Na Figura 11, são apresentadas as médias *a posteriori* das estimativas de herdabilidade (h^2) para os pesos e PE por classe de idade. Para peso, as estimativas variaram de 0,17 a 0,31, sendo as menores no início do período estudado, aumentando com o passar do tempo, indicando que a seleção para peso, quando realizada próxima aos dois anos de idade, tende a resultar em maior ganho genético. A mesma tendência de h^2 mais altas com o aumento da idade dos animais foi observada por Ferreira et al. (2017), para a raça Guzerá utilizando modelos de regressão aleatória, porém com valores de herdabilidade superiores sendo 0,38, 0,32, 0,47, 0,53 e 0,70 para peso aos 120, 210, 365, 450 e 550 dias, respectivamente. Em estudos com animais zebuínos de corte, valores superiores foram encontrados, variando de 0,26 a 0,56 (P365) e 0,34 a 0,59 (P550) (BOLIGON; RORATO; ALBUQUERQUE, 2007; ALBUQUERQUE; EL FARO, 2008; BOLIGON; ALBUQUERQUE; RORATO, 2008; NEPOMUCENO et al., 2012). Os valores de h^2 estimados nesse estudo sugerem que há variabilidade genética suficiente para a realização de seleção direta da característica, com possível obtenção de ganhos genéticos, sendo esses maiores com o aumento da idade.

Figura 11 - Médias da distribuição *a posteriori* das estimativas de herdabilidade para peso (linha vermelha) e para PE (linha azul) de animais Guzerá, em função das classes de idade (dias).

Fonte: Autoria própria.

As médias *a posteriori* das h^2 para PE apresentadas na Figura 11 variaram de 0,19 (classe 384) a 0,28 (classe 724). Observa-se uma queda no valor da h^2 no início do período avaliado, seguido de um aumento nas estimativas, que se manteve até o final do período estudado, correspondendo com o período onde há diminuição do número de observações da característica, que pode ser em decorrência de seleção realizada pelos criadores. Boligon, Rorato e Albuquerque (2007) estimaram valor semelhante de 0,25 para PE aos 12 meses de idade, mas superiores para PE aos 18 meses que variou de 0,35 a 0,37. Valores superiores foram estimados por Grupioni et al. (2015), para PE365 ($0,33 \pm 0,07$) e PE aos 450 dias (PE450 = $0,34 \pm 0,08$). Em animais Nelore, Gianlorenço et al. (2003), Nepomuceno et al. (2012) e Santana et al. (2015) também estimaram valores superiores (0,30 a 0,60) para h^2 do PE, apresentando a mesma tendência de aumento da estimativa a medida que aumenta a idade.

Assim como observado para a característica peso, os valores das h^2 diretas para PE sugerem a existência de variabilidade genética suficiente para ganho genético com a seleção direta, principalmente quando realizada do meio até o final do período estudado. Quando analisados simultaneamente os valores de h^2 de peso e de PE, pode-se inferir que a maior resposta à seleção ocorrerá a partir do sobreano dos animais (classe 554).

A h^2 para IPP foi estimada em 0,07, sendo, portanto um valor baixo e indicando ser essa uma característica muito influenciada pelo ambiente. Pode se tratar de um banco de

dados no qual todos os animais são registrados e o efeito da nutrição, das condições ambientais e do manejo reprodutivo são diferentes dos aplicados a rebanhos comerciais, o que pode ter colaborado para a baixa h^2 , uma vez que a matriz registrada pode ser escolhida como reprodutora para produção de animais de alto valor genético e não para a produção de bezerros comerciais, demandando um manejo específico. Além disso, uma possível explicação seria o fato de só terem permanecido nesse arquivo de dados as fêmeas que já manifestaram a capacidade de reproduzir, mesmo que tenham sido expostas à reprodução algum tempo depois de apresentar essa capacidade. Outro manejo reprodutivo que compromete a manifestação do fenótipo é a determinação de peso ou idade mínima para a exposição das novilhas ao reprodutor ou à inseminação artificial. Esses manejos pré-determinados, quando adotados pelo criador, impedem a detecção de cio nas fêmeas mais precoces do rebanho, prejudicando a eficiência reprodutiva da propriedade, diminuindo a acurácia das estimativas genéticas da característica e interferindo no resultado da seleção para IPP.

Estudos com animais zebuínos apresentaram estimativas de h^2 para IPP superiores, variando de 0,09 a 0,16 (DIAS; EL FARO; ALBUQUERQUE, 2004; BOLIGON; RORATO; ALBUQUERQUE, 2007; NEPOMUCENO et al., 2012; GRUPIONI et al., 2015). Santana et al. (2015) estimaram valores entre 0,11 e 0,19 para fêmeas zebuínas expostas aos reprodutores aos 24 meses de vida, e 0,20 a 0,29 quando as fêmeas foram expostas aos 14 meses. Isso indica claramente que a seleção precoce de fêmeas para a redução da IPP traz resultados positivos na redução da característica e ganho em precocidade sexual. No entanto, em geral, melhores resultados foram encontrados naqueles estudos em que o animal foi desafiado. Esse resultado pode ser devido as fêmeas mais velhas já terem atingido a puberdade antes da exposição ao macho, dificultando a estimação de diferenças genéticas entre elas. Muitas novilhas, mesmo que expostas precocemente à reprodução, não emprenham no primeiro cio, o que amplia a magnitude dos componentes de variância para IPP na idade menor. Mesmo que as h^2 para IPP sejam baixas, é de extrema importância a avaliação das características reprodutivas, para a realização da seleção de matrizes jovens, uma vez que possibilita o retorno do capital investido mais rapidamente, leva a um aumento da vida produtiva da vaca e do número de crias deixadas por elas na propriedade (PEREIRA; ELER; FERRAZ, 2002).

As correlações genéticas entre os pesos nas diferentes idades podem ser visualizadas na Figura 12. Observou-se que as maiores correlações ocorreram em classes de idade próximas e estas diminuíram com o distanciamento das classes. Usando polinômios de Legendre, Albuquerque e El Faro (2008), estimaram correlações genéticas de 0,98 (P365 X

P550), valor próximo ao encontrado nesse estudo (0,93). Ferreira et al. (2017) estimaram correlações de 0,99; 0,98; 0,99 entre P365 e P450, P365 e P550, P450 e P550, respectivamente. Nesse estudo os valores estimados foram ligeiramente inferiores, sendo 0,93; 0,83 e 0,98 para as mesmas características. Boligon, Albuquerque e Rorato (2008) estimaram valor semelhante de correlação entre P365 e P550 (0,79).

As estimativas de correlações genéticas obtidas nesse estudo foram de moderadas a altas, indicando que se realizada a seleção de animais para peso em uma idade menor, espera-se, por resposta correlacionada, aumento dos pesos nas idades mais avançadas. Isso indica que grande parte dos genes que atuam no peso de uma determinada idade também atua no peso, nas demais idades mensuradas. Em decorrência dos valores de correlações estimadas, pode-se realizar a seleção precoce, com consequência na diminuição do intervalo de gerações e possível aumento de ganho genético anual, além da aceleração do retorno do capital investido na atividade.

Figura 12 - Médias *a posteriori* das correlações genéticas entre pesos em função das classes de idade (dias).

Fonte: Autoria própria.

As correlações genéticas entre PE nas diferentes idades apresentaram grande variação (Figura 13), o que poderia ser em virtude do período fisiológico pelo qual os animais passam nesse intervalo de idade. Em estudo com machos Guzerá, Osório et al. (2012) observaram que o crescimento testicular ocorreu dos 6 até após os 36 meses, e o ponto de inflexão máximo, ou seja, o período de maior crescimento desse órgão, foi atingido aos 13,2 meses de idade, com média de 18,1 cm. Esses mesmos autores sugerem que o maior desenvolvimento testicular encontrado no período pós-púbere apresenta relação com o desenvolvimento do eixo hipotálamo-hipófise-gonadal, responsável pela maior secreção de gonadotrofinas e

testosterona. A idade à puberdade para machos da raça Guzerá encontrada em literatura variou de 14 a 25 meses (TROCÓNIZ et al., 1991; TORRES-JUNIOR; HENRY, 2005; OSORIO et al., 2012). Define-se puberdade a idade na qual o touro produz seu primeiro ejaculado com 50 milhões de espermatozoides com, pelo menos, 10% de motilidade (TROCÓNIZ et al., 1991). Esses mesmos autores, estimando correlações simples entre PE e qualidade do sêmen (concentração, volume e motilidade) em touros Guzerá com idade entre 8 e 40 meses ou mais, encontraram valores de moderados a altos, variando de 0,61 a 0,73, demonstrando a importância do PE no desempenho reprodutivo dos animais.

Figura 13 - Médias *a posteriori* das correlações genéticas entre perímetro escrotal (PE), em função das classes de idade (dias).

Fonte: Autoria própria.

A correlação genética entre PE365 e PE450 foi de 0,66, inferior às apresentadas em estudo de Grupioni et al. (2015) que estimaram valor 0,87 ($\pm 0,04$) para a mesma idade, em animais da raça Guzerá. Correlações genéticas entre PE em animais da raça Nelore, em diferentes idades, apresentaram a mesma tendência que a do presente estudo, porém os valores estimados foram superiores, principalmente entre classes mais distantes de idade (SANTANA et al., 2015). Em decorrência dos valores estimados de correlações, é esperado que a resposta correlacionada para o aumento do PE seja maior para aquelas medidas em idades mais próximas entre si.

As correlações genéticas entre peso e PE em todas as idades estão apresentadas na Figura 14, e entre as mesmas idades, estão apresentadas na Figura 15. As correlações genéticas entre os pesos e os PE foram todas positivas e maiores, em geral, quando as comparações foram estabelecidas nas mesmas idades para as características. Nas mesmas

idades, as correlações variaram entre 0,31 (classe 514) e 0,47 (classe 374). Dois períodos podem ser observados na Figura 14, onde as correlações entre as características apresentariam maior resposta indireta à seleção ($> 0,40$), sendo o primeiro considerado do início do período estudado até da classe de idade 434 para peso e classe 544 para PE, e o segundo período abrangendo da classe 614 para peso e 594 para PE até as classes finais (724).

Figura 14 - Médias *a posteriori* das correlações genéticas entre peso e perímetro escrotal (PE), em função das classes de idade (dias).

Fonte: Autoria própria.

Figura 15 - Médias *a posteriori* das correlações genéticas entre peso e perímetro escrotal, entre as mesmas classes de idade (dias).

Fonte: Autoria própria.

Os valores estimados nesse trabalho, foram inferiores aos estimados por Nepomuceno et al. (2012) para P365 e PE (0,88) e P550 e PE (0,89), mas superior ao encontrado por Boligon, Rorato e Albuquerque (2007), aos 12 meses de idade (0,26). As médias *a posteriori* positivas, das correlações genéticas entre as medidas de pesos e PE, indicam que a seleção para o aumento do peso poderá levar ao aumento do PE em todo o período de tempo estudado, por meio da resposta correlacionada, e que essa resposta seria maior se a seleção ocorresse até a classe de idade 424, e da classe 634 até o final do período avaliado, como já colocado acima.

As médias *a posteriori* das correlações genéticas entre peso e IPP foram moderadas e negativas, sendo favoráveis para a seleção indireta de IPP (Figura 16). Os valores variaram de -0,56 (classe 384) a -0,38 (classe 724). Grossi et al. (2009) estimaram correlações de -0,38 e -0,33 entre IPP e P365 e IPP e P450, respectivamente e Grupioni et al. (2015) estimaram valores para correlação entre IPP e P365 ($-0,41 \pm 0,12$) e IPP e P450 ($-0,23 \pm 0,14$), inferiores em comparação com as estimativas do presente trabalho que foram de -0,56 e -0,54, respectivamente.

Por ser a IPP uma característica que busca-se a sua redução, quanto mais negativo o valor da correlação, melhor será a resposta correlacionada. Portanto, o período estudado apresenta potencial para a realização da seleção para peso com contribuição para a redução da IPP. Esses resultados sugerem um sinergismo entre os genes responsáveis pelas características de crescimento e os genes responsáveis pela expressão da característica IPP, o que indicaria que fêmeas com maior potencial de crescimento após um ano de vida tendem a ser mais precoces ao primeiro parto. De modo similar, machos com o maior potencial de crescimento nesse mesmo período tendem a ter filhas com potencial para precocidade na IPP.

Figura 16 - Médias *a posteriori* das correlações genéticas, entre peso e IPP (linha tracejada) e perímetro escrotal e IPP (linha contínua), em função das classes de idade (dias).

Fonte: Autoria própria.

Os valores de correlações genéticas médias entre PE e IPP variaram de -0,55 (classe 674) a 0,08 (classe 344). Em trabalhos da literatura, as estimativas variaram de -0,13 e -0,21 (BOLIGON; RORATO; ALBUQUERQUE, 2007; BOLIGON; ALBUQUERQUE; RORATO, 2008; NEPOMUCENO et al., 2012). Em Nelore, Santana et al. (2015) estimaram correlação de -0,30 entre PE e a IPP quando as novilhas foram expostas ao touro com 24 meses e, correlações genéticas variando de -0,70 a -0,50 quando foram expostas aos 14 meses de idade, sugerindo que a resposta correlacionada nessa idade será mais expressiva quando aplicada a seleção para PE. Esses autores citaram que as semelhanças entre as regulações de hormônios reprodutivos de machos e de fêmeas, também explicariam a correlação entre PE e IPP. Além disso, Haley et al. (1989) em estudo com ovelhas machos e fêmeas com 10 e 20 semanas de vida, relatam que os mesmos genes seriam responsáveis pelas respostas hormonais em ambos os sexos. Assim como observado entre peso e IPP, observa-se um sinergismo entre os genes responsáveis pelas características reprodutivas de machos e fêmeas.

Os valores negativos para as correlações indicam que a seleção para um maior PE do reprodutor favorece, por meio de resposta correlacionada, a redução na IPP da sua progênie, e que há variação nas respostas em diferentes idades. Diferentemente do observado entre peso e IPP, nas correlações entre PE e IPP, observa-se que houve uma correlação genética baixa e até positiva em idades menores, pouco influenciando na resposta correlacionada.

O ganho genético obtido via seleção direta para IPP seria de -4,03 dias/geração. Utilizando-se a característica peso como critério de seleção, o ganho genético indireto para IPP será menor que o ganho obtido por seleção direta. Entretanto, a eficiência relativa de seleção (ER) indica benefícios para a IPP com RC para IPP positivas e praticamente constantes para todo o período (Tabela 7). Portanto, a seleção para peso auxiliará na redução de IPP em todas as classes de idade estudadas.

Quando adotado PE como critério de seleção, ocorrem perdas de RC para IPP nas idades iniciais, entretanto, para idades maiores que 614 dias, as RC são maiores que os valores encontrados quando a seleção for realizada para peso e, em idades maiores que 634 dias, as RC para IPP são superiores aos ganhos obtidos via seleção direta para IPP. Apesar dos benefícios da resposta correlacionada para a IPP, tanto na utilização dos pesos como do PE como critérios de seleção, a identificação de fêmeas mais precoces no rebanho, em decorrência da exposição à reprodução em idades menores a 634 dias, poderia melhorar a resposta direta à seleção para essa característica.

Tabela 7 - Estimativa de resposta correlacionada (RC_2) e eficiência relativa de seleção (ER%) para idade ao primeiro parto (IPP), quando realizando seleção para peso (ER peso) e para perímetro escrotal (ER PE).

Classes de idade	RC_2 peso (dias)	ER peso (%)	RC_2 PE (dias)	ER PE (%)
344	-3,4856	86,44	0,5860	-14,53
354	-3,5355	87,68	0,3175	-7,87
364	-3,5773	88,71	0,0485	-1,20
374	-3,6118	89,57	-0,2127	5,27
384	-3,6398	90,26	-0,4605	11,42
394	-3,6621	90,82	-0,4605	11,42
404	-3,6798	91,25	-0,9067	22,48
414	-3,6935	91,59	-1,1048	27,40
424	-3,7040	91,86	-1,2879	31,94
434	-3,7121	92,06	-1,4581	36,16
444	-3,7183	92,21	-1,6173	40,11
454	-3,7231	92,33	-1,7676	43,83
464	-3,7270	92,42	-1,9107	47,38
474	-3,7301	92,50	-2,0482	50,79
484	-3,7329	92,57	-2,1817	54,10
494	-3,7353	92,63	-2,3122	57,34

504	-3,7375	92,69	-2,4408	60,53
514	-3,7395	92,74	-2,5685	63,69
524	-3,7412	92,78	-2,6957	66,85
534	-3,7425	92,81	-2,8231	70,01
544	-3,7432	92,83	-2,9509	73,18
554	-3,7431	92,82	-3,0793	76,36
564	-3,7418	92,79	-3,2081	79,56
574	-3,7390	92,72	-3,3369	82,75
584	-3,7343	92,61	-3,4650	85,93
594	-3,7273	92,43	-3,5914	89,06
604	-3,7176	92,19	-3,7145	92,12
614	-3,7047	91,87	-3,8326	95,04
624	-3,6881	91,46	-3,9433	97,79
634	-3,6675	90,95	-4,0440	100,29
644	-3,6423	90,32	-4,1319	102,47
654	-3,6123	89,58	-4,2039	104,25
664	-3,5771	88,71	-4,2571	105,57
674	-3,5366	87,70	-4,2892	106,37
684	-3,4907	86,56	-4,2983	106,59
694	-3,4393	85,29	-4,2835	106,23
704	-3,3825	83,88	-4,2450	105,27
714	-3,3207	82,35	-4,1841	103,76
724	-3,2540	80,70	-4,1029	101,75
IPP	-4,0324*	-	-4,0324*	-

* resposta à seleção direta para IPP. Fonte: Autoria própria

De modo geral, os valores de ER indicam que há ganho genético favorável (diminuição da IPP) para o período estudado quando peso e PE estiverem presentes nos índices de seleção. Mesmo que lento, o progresso genético é acumulado a cada geração, e em longo prazo, a característica IPP poderá apresentar redução significativa e, assim, melhorar a eficiência reprodutiva das fêmeas do rebanho.

4. CONCLUSÕES

O modelo de regressão aleatória utilizando polinômios de Legendre de grau quadrático foi apropriado para modelar o efeito genético aditivo e de ambiente permanente para peso e PE no período entre 335 e 724 dias de idade à medição. A análise de peso e PE juntamente

com IPP possibilitou identificar as idades para a seleção dessas características que trazem respostas correlacionadas mais favoráveis para a redução do IPP, em decorrência das correlações genéticas e da eficiência relativa de seleção, estimadas.

As estimativas dos parâmetros genéticos para as características peso, PE e IPP indicam a possibilidade de ganho genético direto, quando incluídas nos programas de seleção e melhoramento genético, sendo a menor resposta esperada para a IPP, devido a sua baixa herdabilidade, o que indica pequena variabilidade genética aditiva na expressão dessa característica. Mudanças no manejo e na coleta dos dados pode auxiliar na identificação de variabilidade genética para IPP. As correlações genéticas entre peso e PE são positivas e favoráveis, indicando que a seleção para peso possivelmente resultará em incremento do PE. As correlações entre peso e IPP, e PE e IPP foram favoráveis, sugerindo que a redução da IPP poderá ocorrer, a longo prazo, quando peso e PE forem objetivos de seleção. A participação dessas características em índices de seleção favorecerão a redução de IPP, assim como a identificação de fêmeas precoces no rebanho, que poderia melhorar a resposta direta à seleção para essa característica.

Para a obtenção das melhores respostas correlacionadas para IPP quando peso e PE forem critérios de seleção, a seleção dos animais deve ocorrer a partir do sobreano (classe 544), sendo que a partir da classe 624, a seleção indireta para IPP quando selecionado para PE apresenta melhor resultado que a seleção direta.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

1. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Com os resultados obtidos nas análises realizadas, aceita-se a primeira hipótese apresentada nesse trabalho, ou seja, a partir dos parâmetros e os valores genéticos estimados tanto para a produção de leite como para os pesos em diferentes idades, nas análises bi-características, pode-se observar que raça Guzerá possui diferentes padrões de crescimento e produção de leite. A partir da determinação do objetivo de seleção de uma propriedade, é possível a escolha dos reprodutores que apresentem potencial genético para o objetivo escolhido devido a existência de diferentes perfis genéticos dos seus reprodutores.

A segunda hipótese também se confirmou, após as análises de regressão aleatória com peso, perímetro escrotal e idade ao primeiro parto. A partir das associações genéticas estimadas, observou-se que há uma relação entre crescimento e precocidade sexual.

O uso de modelos de regressão aleatória deve ser cada vez mais utilizado nos estudos das características de interesse e, ajustando-se o modelo sobre polinômios ortogonais de Legendre, é possível a utilização de características não repetidas nas análises. Porém, a ordem do polinômio deve ser testada para cada análise, de acordo com o banco de dados e as características avaliadas.

Portanto, o estudo das associações genéticas entre pesos, produção de leite, perímetro escrotal e IPP apresentou resultados relevantes para a melhoria da eficiência de seleção para produção de carne e de leite na raça Guzerá no Brasil.

REFERÊNCIAS

REFERÊNCIAS

- ABCZ. **Associação brasileira de criadores de zebu**). Disponível em: <<http://www.abcz.org.br/Home/Conteudo/23218-Apresentacao-do-PMGZ>> Acesso em: 20 abr. 2017.
- ALBUQUERQUE, L. G.; EL FARO, L. Comparações entre os valores genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Nelore preditos com modelos de dimensão finita ou infinita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, n. 2, p. 238-246, 2008.
- ANCP. Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores. Disponível em: <<http://www.ancp.org.br/pagina/29/guzera#.WfG4kMbOrGI>> Acesso em: 20 abr. 2017.
- BALDI, F.; ALBUQUERQUE, L. G.; ALENCAR, M. M. Random regression models on Legendre polynomials to estimate genetic parameters for weights from birth to adult age in Canchim cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Medford, v. 127, p. 289-299, 2010.
- BIAGIOTTI, D.; GUIMARÃES, F.F.; SARMENTO, J.L.R.; SANTOS, G.V.; REGO NETO, A.A.; SANTOS, N.P.S.; SARAIVA, T.T.; FIGUERIEDO FILHO, L.A.S.; SENA, L.S. Uso de estatística multivariada para estudo da caracterização racial em ovinos. **Acta Tecnológica**, v. 9, n. 1, p. 16-26, 2014
- BOLIGON, A. A.; RORATO, P. R. N.; ALBUQUERQUE, L. G. Correlações genéticas entre medidas de perímetro escrotal e características produtivas e reprodutivas de fêmeas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 36, n. 3, p. 565-571, 2007.
- BOLIGON, A. A.; ALBUQUERQUE, L. G, RORATO, P. R. N. Associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, n. 4, p. 596-601, 2008.
- BUABAN, S.; KUCHIDA, K.; SUZUKI, M.; MASUDA, Y.; BOONKUM, W.; DUANGJINDA, M. Genetic analysis of the rates of conception using a longitudinal threshold model with random regression in dairy crossbreeding within a tropical environment. **Animal Science Journal**, Medford, v. 87, p. 961–971, 2016.
- CAMMACK, K. M.; THOMAS, M. G.; ENNS, R. M. Review: Reproductive Traits and Their Heritabilities in Beef Cattle. **The Professional Animal Scientist**, Champaign, v. 25, n. 6, p. 517–528, 2009.
- COSTA, M. T. G. P.; SANCHES, A.; MUNARI, D. P. Estimação bayesiana de parâmetros genéticos de pesos corporais em um rebanho da raça Guzerá. **Nucleus Animalium**, Ituverava, v. 1, n. 1, p. 48-60, 2009.
- CRUZ, D. A. C.; PEIXOTO, M. G. C. D.; BRUNELI, F. A. T.; BIGNARDI, A. B.; EL FARO, L. Genetics Parameters of tes-day milk yield in Guzerá cattle under tropical conditions. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 4, p. 13.618-13.624, 2015.
- CRUZ, D. A. C.; SAVEGNAGO, R. P.; SANTANA, A. B. B.; PEIXOTO, M. G. C. D.,

BRUNELI, F. A. T.; EL FARO, L. Cluster analysis of breeding values for milk yield and lactation persistency in Guzerá cattle. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 46, n. 7, p. 1281-1288, 2016.

DIAS, L. T.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L. G. Estimativas de Herdabilidade para Idade ao Primeiro Parto de Novilhas da Raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 33, n. 1, p. 97-102, 2004.

DOBSON, A. J. **An introduction to generalized linear models**. Melbourne: Chapman and Hall, 1990. 174p.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L. G. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 5, p. 1104-1113, 2003.

EL FARO, L.; CARDOSO, V. L.; ALBUQUERQUE, L. G. Variance component estimates applying random regression models for test-day milk yield in Caracu heifers (*Bos taurus Artiodactyla, Bovidae*). **Genetics and Molecular Biology**, v. 31, n. 3, p. 665-673, 2008.

ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; BALIEIRO, J. C. C.; MATTOS, E. C.; MOURÃO, G. B. Genetic correlation between heifer pregnancy and scrotal circumference measured at 15 and 18 months of age in Nelore cattle. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 5, n. 4, p. 569–580, 2006.

ENGLISHBY, T. M.; BANOS, G.; MOORE, K. L.; COFFEY, M. P.; EVANS, R. D.; BERRY, D. P. Genetic analysis of carcass traits in beef cattle using random regression models. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 94, p. 1354–1364, 2016.

FERREIRA, F. R.; ARAUJO NETO, F. R.; BORGES, H. B.; ASPILCUETA-BORQUIS, R. R.; HURTADO-LUGO, N. A.; OLIVEIRA, R. N.; ALBUQUERQUE, L. G.; TONHATI, H. Random regression models to estimate genetic parameters for weights in Murrah buffaloes. **Animal Science Journal**, Medford, v. 88, p. 1212–1219, 2017.

FERREIRA, J. L.; BRESOLIN, T.; LOPES, F. B.; GARCIA, J. A. S.; NEPOMUCENO, L. L.; SCHMIDT, A. B.; LÔBO, R. B. Modelos de regressão aleatória para característica de crescimento em bovinos da raça Guzerá. **Ciência Animal Brasileira**, Goiânia, v. 18, p. 1-12, 2017.

FONSECA, W. J. L.; EVANGELISTA, A. F.; BORGES, L. S.; VOGADO, G. M. S.; CAVALCANTE, D. H.; OLIVEIRA, M. R. A.; CAMPELO, J. E. G.; CARVALHO, M. D. F. Application of random regression models for growth traits of Nelore cattle in Brazil. **Nucleus Animalium**, Ituverava, v. 8, n. 2, 2016.

FREITAS, L.S.; SILVA, M.A.; VERNEQUE, R.S.; VALENTE, B.D.; CORRÊA, G.S.; FERREIRA, R.F.; PEIXOTO, M.G.C.D.; SANTOS, G.G. Avaliação da persistência na lactação da raça Guzerá, utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. Belo Horizonte, v. 68, p. 401–408, 2010.

GIANLORENÇO, V. K.; ALENCAR, M. M.; TORAL, F. L. B.; MELLO, S. P.; FREITAS, A. R.; BARBOSA, P. F. Herdabilidades e Correlações Genéticas de Características de Machos e Fêmeas, em um Rebanho Bovino da Raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 6, p. 1587-1593, 2003. Supl. 1.

GRESSER, L. S.; BERGMANN, J. A. G.; PEREIRA, C. S. Estudo das associações genéticas entre perímetro escrotal e características reprodutivas em fêmeas Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 29, n. 2, p. 427-437, 2000.

GROSSI, D. A.; VENTURINI, G. C.; PAZ, C. C. P.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B.; OLIVEIRA, J. A.; MUNARI, D. P. Genetic associations between age at first calving and heifer body weight and scrotal circumference in Nelore cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Medford, v. 126, n. 5, p. 387-393, 2009.

GRUPIONI, N. V.; GUIDOLIN, D. G. F.; VENTURINI, G. C.; LÔBO, R. B.; MUNARI, D. P. Parâmetros genéticos e tendências genéticas para características reprodutivas e de crescimento testicular em bovinos guzerá. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 28, n. 2, p. 152-160, 2015.

HAIR, J. F.; BLACK, W. C.; BABIN, B. J.; ANDERSON, R. E. **Multivariate data analysis**. 7 ed. Upper Saddle River: Prentice Hall, 2009. 816 p.

HALEY, C. S.; LEE, G. J.; FORDYCE, M.; BAXTER, G.; LAND, R. B.; WEBB, R. Study of LH response to GnRH in the young male as a criterion of genetic merit for female reproduction in sheep. **Journal of Reproduction and Fertility**, Middlesex, v. 86, n. 1, p. 119-133, 1989.

HARTIGAN, J. A.; WONG, M. A. Algorithm AS 136: A K-Means Clustering Algorithm. **Journal of the Royal Statistical Society**, v. 28, n. 1, p. 100-108, 1979. Series C (Applied Statistics).

HENRIQUE, W.; FERRAUDO, A. S.; SAMPAIO, A. A. M.; PERECIN, D.; SILVA, T. M.; TEDESCHI, L. O. Agrupamento hierárquico, não hierárquico e redes neurais artificiais na caracterização de grupos de bovinos machos terminados em confinamento. **Boletim de Indústria Animal**, Nova Odessa, v. 72, n. 1, p. 41-50, 2015.

HERRERA, L. G. G.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L. G.; TONHATI, H.; MACHADO, C. H. C. Parâmetros genéticos para produção de leite no dia do controle e para produção de leite até 305 dias nas primeiras lactações de vacas da raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, n. 10, p. 1774-1780, 2008.

HOWARD, J. T.; JIAO, S.; TIEZZI, F.; HUANG, Y.; GRAY, K. A.; MALTECCA, C. Genome-wide association study on legendre random regression coefficients for the growth and feed intake trajectory on Duroc Boars. **Genetics**, Bethesda, v. 16, p. 59-70, 2015.

KAISER, H. F. The application of electronic computers to factor analysis. **Education and Psychological Measurement**, v. 20, p. 141-151, 1960.

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, Bethesda, v. 124, n. 4, p. 979-993, 1990.

KIRKPATRICK, M.; HILL, W. G.; THOMPSON, R. Estimating the covariance structure of traits during growth and ageing, illustrated with lactation in dairy cattle. **Genetics Research**, Cambridge, v. 64, p. 57-69, 1994.

LEE, C.; POLLAK, E. J. Genetic antagonism between body weight and milk production in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 80, p. 316-321, 2002.

LIN, C. Y.; McALLISTER, A. J.; LEE, A. J. Multitrait Estimation of Relationships of First-Lactation Yields to Body Weight Changes in Holstein Heifers. **Journal of Dairy Science**, v. 68, p. 2954-2963, 1985.

MEBRATIE, W.; SHIRALI, M.; MADSEN, P.; SAPP, R. L.; HAWKEN, R. JENSEN, R. The effect of selection and sex on genetic parameters of body weight at different ages in a commercial broiler chicken population. **Livestock Science**, v. 204, p. 78-87, 2017.

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

MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using random regression model. **Genetics Selection Evolution**, London, v. 30, p. 221-240, 1998.

MEYER, K. First estimates of covariance functions for lifetime growth of Angus cattle. **Proceedings of association for the advancement of animal breeding and genetics**, v.15, p.395-398, 2003.

MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v. 86, n. 1-3, p. 69-83, 2004.

MEYER, K. Wombat - A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University Science B**. Zhejiang Sheng, v. 8, n. 11, p. 815-821, 2007.

MEYER, K.; KIRKPATRICK, M. Restricted maximum likelihood estimation of genetic principal components and smoothed covariance matrices. **Genetics Selection Evolution**, v. 37, n.1-30, 2005.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABLE, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE, D. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: 7TH WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 2002, Montpellier, France. **Proceedings...**, CD-ROM communication 28:07. 2002.

MOTA, L. F. M.; MARTINS, P. G. M. A.; LITTIERE, T. O.; ABREU, L. R. A.; SILVA, M. A.; BONAFÉ, C. M. Genetic evaluation and selection response for growth in meat-type quail through random regression models using B-spline functions and Legendre polynomials. **The Animal Consortium**, Cambridge, v. 14, p. 1-8, 2017.

MUCARI, T. B.; OLIVEIRA, J. A. Análise Genético-Quantitativa de Pesos aos 8, 12, 18 e 24 Meses de Idade em um Rebanho da Raça Guzerá. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 6, p. 1604-1613, 2003.

MUNIZ, C. A. S. D.; QUEIROZ, S. A.; MASCIOLI, A. S.; EL FARO, L. Análise de componentes principais para características de crescimento em bovinos de corte. **Ciências Agrárias**, Londrina, v. 35, n. 3, p. 1569-1576, 2014.

NEPOMUCENO, L. L.; ABDRADE, R. J.; LOPES, F. B.; LIRA, T. S.; VIEIRA, L. F.; SANTOS, G. C. J.; PEREIRA, L. S.; FERREIRA, J. L. Associações genéticas entre perímetro escrotal e as características produtivas e reprodutivas em rebanho Nelore criado na região norte do Tocantins. **Revista Acadêmica - Ciências Agrárias e Ambientais**, Curitiba, v. 10, n. 3, p. 253-261, 2012.

NISHIDA, A.; AZIZ, M. A.; NISHIDA, S.; SUZUKI, K. Modelling number of services per conception of Japanese Black cattle by random regression. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Medford, v. 123, n. 1, p. 56-63, 2006.

OLIVEIRA, J. A.; BEZERRA, L. A. F.; BASTOS, J. F. P. Correlações genéticas e fenotípicas entre pesos e produção de leite na primeira lactação em fêmeas da raça Guzerá. **Boletim de Indústria Animal**, v. 51, n.1, p. 7-11, 1994.

OLIVEIRA, H. R.; SILVA, F. F.; SIQUEIRA, O. H. G. B. D.; SOUZA, N.O.; JUNQUEIRA, V. S.; RESENDE, M. D. V.; BORQUIS, R. R. A.; RODRIGUES, M. T. Combining different functions to describe milk, fat, and protein yield in goats using Bayesian multiple-trait random regression models. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 94, n. 5, p. 1865–1874, 2016.

OSORIO, J. P.; MARC, H.; BERGMANN, J. A. G.; CARMO, A. S.; SOUZA, F. A. Desenvolvimento testicular e puberdade em machos da raça guzerá da desmama aos 36 meses de idade criados no cerrado mineiro. **Revista de Medicina Veterinária**, n. 24, p. 9-24, 2012.

PEIXOTO, M. G. C. D.; VERNEQUE, R. S.; TEODORO, R. L.; PENNA, V. M.; MARTINEZ, M. L. Genetic trend for milk yield in Guzerat herds participating in progeny testing and MOET nucleus schemes. **Genetic and Molecular Research**. v. 5, n. 3, p. 454–465, 2006.

PEIXOTO, M.G.C.D.; POGGIAN, C. F.; VERNEQUE, R. S.; EGITO, A. A.; CARVALHO, M.R.S.; PENNA, V.M.; BERGMANN, J.A.G.; VICCINI, L.F.; MACHADO, M.A. Genetic basis and inbreeding in the Brazilian Guzerat (*Bos indicus*) subpopulation selected for milk production. **Livestock Science**, v. 131 p. 168–174, 2010.

PELICIONI, L. C.; QUEIROZ, S. A.; ALBUQUERQUE, L. G. Estimativas de parâmetros genéticos para pesos ao nascer e mensais até 450 dias em bovinos Guzerá. **Archivo Latinoamericano de Produccion Animal**. v. 11, n. 1, p. 34-39, 2003.

PELICIONI, L. C.; ALBUQUERQUE, L. G.; QUEIROZ, S. A. Estimação de componentes de co-variância para pesos corporais do nascimento aos 365 dias de idade de bovinos Guzerá empregando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 38, n. 1, p. 50-60, 2009.

PEREIRA, E.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S. Análise genética de características reprodutivas

na raça Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 5, p. 703-708, 2002.

PEREIRA, R. J.; SANTANA JÚNIOR, M. L.; AYRES, D. R.; BIGNARDI, A. B.; VERCESI FILHO, A. E. Depressão endogâmica na produção de leite no dia do controle de bovinos Gir leiteiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 51, n. 6, p. 751-758, 2016.

PIMENTA FILHO, E. C.; MARTINS, G. A.; SARMENTO, J. L. R.; RIBEIRO, M. N.; MARTINS FILHO, R. Estimativas de Herdabilidade de Efeitos Direto e Materno de Características de Crescimento de Bovinos Guzerá, no Estado da Paraíba. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 30, n. 4, p. 1220-1223, 2001.

RENCER, A. C. **Methods of Multivariate Analysis**. New York: Wiley-Inter-science, 2002.

SANTANA JR, M. L.; ELER, J. P.; BIGNARDI, A. B.; FERRAZ, J. B. S. Two-trait random regression model to estimate the genetic association of scrotal circumference with female reproductive performance in Nelore cattle. **Theriogenology**, v. 83, n. 9, p. 1534–1540, 2015.

SANTOS, D. J. A.; PEIXOTO, M. G. C. D.; BORQUIS, R. R. A.; VERNEQUE, R. S.; PANETTO, J. C. C.; TONHATI, H. Genetic parameters for test-day milk yield, 305-day milk yield and lactation length in Guzerat cows. **Livestock Science**. v. 152, n. 2-3, p. 114-119, 2013.

SANTOS, D. J. A.; PEIXOTO, M. G. C. D.; BORQUIS, R. R. A.; PANETTO, J. C. C.; EL FARO, L.; TONHATI, H. Predicting breeding values for milk yield of Guzerá (*Bos indicus*) cows using random regression models. **Livestock Science**, v. 167, p. 41-50, 2014.

SARMENTO, J. L. R.; ALBUQUERQUE, L. G.; TORRES, R. A.; RODRIGUES, M. T.; LOPES, P. S.; REIS FILHO, J. C. Comparação de modelos de regressão aleatória para estimação de parâmetros genéticos em caprinos leiteiros. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, n. 10, p. 1788-1796, 2008.

SAVEGNAGO, R. P.; NASCIMENTO, G. B.; ROSA, G. J. M.; CARNEIRO, R. L. R.; SESANA, R. C.; EL FARO, L.; MUNARI, D. P. Cluster analyses to explore the genetic curve pattern for milk yield of Holstein. **Livestock Science**, v. 183, p. 28–32, 2016.

SCHAEFFER, L. R. Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science**, v. 86, n. 1-3, p. 1-268, 2004.

SOUZA, J. C.; MALHADO, C. H. M.; SILVA, L. O. C.; LEAL, T. L.; GOMES, C. M.; JACINTO, E. J.; FERRAZ FILHO, P. B. Parâmetros e tendência genética em bovinos da raça guzerá na microrregião mata e agreste no nordeste do Brasil. **Revista Acadêmica: ciências agrárias e ambientais**, Curitiba, v. 2, n. 2, p. 47-52, 2004.

SPEIDEL, S. E.; PEEL, R. K.; CREWS JR., D. H.; ENNS R. M. Random regression models for the prediction of days to weight, ultrasound rib eye area, and ultrasound back fat depth in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 94, n. 2, p. 471-482, 2016.

SUCHOCKI, T.; LIU, Z.; ŻARNECKI, A.; SZYDA, J. Dissecting an interplay between genomic and pedigree sources of information to estimate breeding values for milk yield in Polish Holstein-Friesian dairy cattle in a one-step approach based on a random regression test

day model. **Animal Science Papers and Reports**, v. 35, n. 2, p. 193-198, 2017.

TEIXEIRA NETO, M. R.; CRUZ, J. F.; FARIA, H. H. N.; SOUZA, E. S.; CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, C. H. M. Descrição do crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos não-lineares selecionados por análise multivariada **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.17, n.1, p.26-36, 2016.

TORRES-JÚNIOR, J. R. S.; HENRY, M. Sexual development of Guzarat (*Bos taurus indicus*) bulls raised in a tropical region. **Animal Reproduction**, Belo Horizonte, v. 2, n. 2, p. 114-121, 2005.

TROCÓNIZ, J. F.; BELTRAN, J.; BASTIDAS, H.; LARREAL, H.; BASTIDAS, P. Testicular development, body weight changes, puberty and semen traits of growing Guzarat and Nellore bulls. **Theriogenology**, v. 35, n. 4, p. 815-826, 1991.

Van der WERF, J.H.J.; SCHAEFFER, L. Random regression in animal breeding. CGIL Guelph, Canada, 1997.

VELOSO, R. C.; WINKELSTROTER, L.K.; SILVA, M.T.P.; PIRES, A.V.; TORRES FILHO, R.A.; PINHEIRO, S.R.F.; COSTA, L.S.; AMARAL, J.M. Seleção e classificação multivariada de modelos não lineares para frangos de corte. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 68, n. 1, p. 191-200, 2016.

VENTURINI, G. C.; GROSSI, D. A.; RAMOS, S. B.; CRUZ, V. A. R.; SOUZA, C. G.; LEDUR, M. C.; EL FARO, L.; SCHMIDT, G. S.; MUNARI, D. P. Estimation of genetic parameters for partial egg production periods by means of random regression models. **Genetics and Molecular Research**, v. 11, n. 3, p. 1819-1829, 2012.

VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA, F.E.; ALBUQUERQUE, L.G.; FREITAS, A.F.; BORGES, L.E.; FERREIRA, J.J.; TEODORO, R.L.; FARIA, F.J.C. Parâmetros genéticos entre características de leite, de peso e a idade ao primeiro parto em gado mestiço (*Bos taurus* X *Bos indicus*). **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 59, n. 4, p. 983-990, 2007.

WARD, J. H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, v. 58, p. 236-244, 1963.

WOLFINGER, R. D. Covariance structure in general mixed models. **Communications in Statistics – Simulation and Computation**, v. 22, n. 4, p. 1079-1106, 1993.

O manuscrito abaixo no qual a aluna Manuela Pires Monteiro da Gama consta como primeiro autor, está sendo traduzido para a língua inglesa e posteriormente será submetido em uma revista internacional.

Associações genéticas entre produção de leite e características de crescimento e análises multivariadas em animais Guzerá

Manuela P. M. da Gama^{*1}, Rodrigo Pelicioni Savegnago², Gisele Machado Fernandes³, Lenira E. F. Zadra⁴, Claudia C. P. de Paz^{1,4}

¹Pós-Graduação em Genética, FMRP/USP - Ribeirão Preto, SP, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, FCAVJ/UNESP - Jaboticabal, Brasil.

³Doutora em Genética, FMRP/USP - Ribeirão Preto, SP, Brasil.

⁴Centro APTA Bovinos de Corte, IZ - Sertãozinho, SP, Brasil.

*manugama@usp.br

RESUMO - Os objetivos deste trabalho foram estimar as associações genéticas entre características de crescimento e produção de leite, utilizando análises bicaracterísticas de animais da raça Guzerá. Foram utilizadas 253.012 informações de pesos de machos e fêmeas aos 120 dias (P120), ao desmame (PD), ao ano (P365), ao sobreano (PSOBRE) e aos 24 meses de idade (P24) e 6.237 lactações encerradas (P305), pertencentes a 4.723 vacas, e os modelos incluíram como os efeitos aleatórios o genético aditivo direto, de ambiente permanente materno e residual, e como efeitos fixos os grupos de contemporâneos e a idade da vaca ao parto (efeito linear e quadrático). Para verificar a existência de diferentes padrões de crescimento e agrupar os touros com base nos seus valores genéticos para produção de carne, leite e duplo propósito, foram realizadas análises de componentes principais e de agrupamento. As herdabilidades estimadas foram 0,23; 0,14; 0,16; 0,17; 0,21 e 0,22 para P120, PD, P365, PSOBRE, P24 e P305, respectivamente, sugerindo que para as características de pesos, as herdabilidades aumentem com o aumento da idade dos animais. As correlações genéticas entre os pesos em diferentes idades e a produção de leite foram positivas e de magnitude moderada a baixa, variando de 0,27 a 0,38 sugerindo que a seleção para peso e P305 possa ser realizada de forma simultânea nos mesmos animais. As análises de componentes principais indicaram a mesma tendência observada pelas correlações genéticas. As análises de agrupamento mostraram que a raça Guzerá possui touros com diferentes perfis genéticos, sendo possível realizar a seleção para corte, leite ou duplo propósito.

Palavras-chave: análise de agrupamento, componentes principais, correlações genéticas, duplo propósito, zebuínos.

Introdução

A raça Guzerá, introduzida no Brasil no final do século XIX, foi inicialmente utilizada e selecionada para produção de carne. Entretanto, destaca-se por ocupar o segundo lugar entre as raças zebuínas com finalidade de produção de leite (Freitas et al., 2010; Santos *et al.*, 2013). Considerada uma raça de duplo propósito, apresenta grande capacidade de ganho de peso, boa adaptação ao clima tropical, resistência a parasitas e uma alta concentração de sólidos no leite o que confere ao Guzerá a capacidade de responder aos diversos sistemas de

produção, de acordo com a região e o nível de tecnologia empregado, demonstrando a sua ampla capacidade de utilização no rebanho nacional (Freitas *et al.*, 2010, Santos *et al.*, 2013).

As avaliações genéticas para a produção de leite tem sido realizadas pelo Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite (PNMGuL- Embrapa/ Centro Brasileiro de Melhoramento Genético do Guzerá) e tem empregado a produção acumulada aos 305 dias de lactação, porém a quantidade de informações disponíveis ainda é pequena quando comparada ao número de dados coletados para peso pelo programas de melhoramento da raça para corte. As avaliações genéticas com dados de pesos é realizada pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP,2017) desde 1999 e pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ,2017), realiza avaliações tanto para corte quanto para leite, já somando mais de 12 milhões de animais avaliados.

A correlação genética entre duas características expressa a magnitude e a direção da associação entre elas e indica quais características podem ser usadas como critérios de seleção. Segundo Vercesi Filho *et al.* (2007), as características de produção de leite e carne apresentam associações genéticas negativas, com valores de moderado a alto, o que sugere um antagonismo genético entre essas características, indicando dificuldade de seleção de ambas em um mesmo animal. A literatura é escassa de trabalhos com as características de peso e produção de leite na raça Guzerá, sendo alguns resultados inconsistentes devido à pequena quantidade de dados analisados, o que resulta em baixa acurácia dos resultados apresentados.

Os objetivos desse trabalho foram estimar as correlações genéticas entre pesos corporais de animais da raça Guzerá e a produção de leite acumulada até os 305 dias de lactação e identificar a existência de diferenças nos padrões de crescimento e produção de leite de reprodutores da raça por meio de análises multivariadas.

Material e métodos

O presente estudo foi realizado com dados de 253.012 animais com informações de pesos aos 120 dias (P120), ao desmame (PD), ao ano (P365), ao sobreano (PSOBRE) e aos 24 meses de idade (P24), sendo as pesagens realizadas entre os anos de 1975 e 2014, O arquivo de dados de produção de leite incluiu 6.237 lactações encerradas (P305), pertencentes a 4.723 vacas, controladas entre 1983 e 2015. Os bancos de dados são provenientes da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ), e pertencem aos Programas de Melhoramento Genético de Zebu de Leite (PMGZLEITE) e de corte (PMGZCORTE).

Os pesos foram padronizados para a idade do animal na pesagem utilizando-se uma regressão linear do peso sobre a idade real por meio do PROC REG (SAS, 2008) e calculada a diferença da idade real em relação à idade de interesse. O peso padronizado foi determinado pelo peso real somado à diferença do peso na idade calculada, multiplicada pelo coeficiente de regressão linear estimado.

As análises para os pesos padronizados foram realizadas por meio de modelo animal em análises unicaracterísticas, que incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (GC) e a idade da vaca ao parto como covariável linear e quadrática. Os GC foram formados pela concatenação dos efeitos de rebanho, sexo, ano e mês de nascimento, ano e mês de pesagem, regime alimentar (a pasto, semi-confinado ou confinado) e condição de criação (mamando sem ordenha, mamando com ordenha, desmamado com ordenha), permanecendo apenas GC com no mínimo três observações. Foram excluídas observações com valores três vezes acima ou abaixo do desvio-padrão em relação à média da característica.

O modelo para a P305, utilizado nas análises bicaracterísticas, incluiu os efeitos fixos de GC e idade do animal ao parto (regressão linear e quadrática). Os GC foram constituídos pelos efeitos de rebanho, ano e estação do parto, permanecendo no arquivo as informações de GC com no mínimo três observações. As observações de P305 com valores três vezes acima ou abaixo do desvio-padrão em relação à média da característica foram excluídas. As idades ao parto variaram 23 a 200 meses, e foram mantidas informações de produção até a quarta lactação das vacas. Os efeitos aleatórios considerados nas análises para a P305 foram o genético aditivo e de ambiente permanente direto, além do efeito residual. Foi utilizado o mesmo arquivo de genealogia para todas as análises e, após o programa eliminar os animais que não possuíam conexões genéticas, os arquivos reduzidos de pedigree apresentaram 132.811, 98.472, 80.018, 66.470 e 54.814 animais para as análises bicaracterísticas da P305 com P120, PD, P365, PSOBRE, P24, respectivamente.

O modelo utilizado nas análises bicaracterísticas pode ser descrito em termos matriciais como sendo:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} pe_1 \\ pe_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

em que:

Y = vetor de observações da característica (pesos em kg / P305 dias, em kg);

β = vetor dos efeitos fixos (GC e idade da vaca ao parto);

a = vetor do efeito genético aditivo direto;

pe = vetor do efeito de ambiente permanente materno (peso) ou direto (P305);

$\mathbf{X}$, $\mathbf{Z}$ e $\mathbf{W}$ = matrizes de incidência para $\boldsymbol{\beta}$, $\mathbf{a}$ e $\mathbf{pe}$, respectivamente;

$\mathbf{e}$ = vetor dos efeitos residuais;

As pressuposições para esse modelo foram $E[\mathbf{y}] = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$, $E[\mathbf{a}] = 0$, $E[\mathbf{pe}] = 0$ e $E[\mathbf{e}] = 0$ e as variâncias:

$$\begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ pe_1 \\ pe_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{a1}^2 & A\sigma_{a1a2} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ A\sigma_{a1a2} & A\sigma_{a2}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{pe1}^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_{pe2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_{e1}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_{e2}^2 \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} a1 \\ a2 \\ pe1 \\ pe2 \\ e1 \\ e2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{a1}^2 & A\sigma_{a1a2} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ A\sigma_{a1a2} & A\sigma_{a2}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{pe1}^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_{pe2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_{e1}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_{e2}^2 \end{bmatrix}$$

em que:

$\mathbf{A}$ é a matriz de parentesco, $\mathbf{I}$ a matriz identidade para produção de leite e peso, σ_{a1}^2 e σ_{a2}^2 as variâncias genéticas aditivas para produção de leite e pesos, σ_{a1a2} a covariância genética aditiva direta entre produção de leite e peso, σ_{pe1}^2 e σ_{pe2}^2 as variâncias de ambiente permanente direto (produção de leite) e materno (pesos) e σ_{e1}^2 e σ_{e2}^2 as variâncias residuais, respectivamente. Os componentes de variância e covariância foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita, utilizando o programa computacional Wombat (Meyer, 2007).

As análises multivariadas constituem-se de um conjunto de métodos estatísticos que possibilitam a análise simultânea de múltiplas medidas para cada indivíduo estudado. A análise de Componentes Principais (CP) foi uma das análises multivariadas realizada no presente estudo com o objetivo de descrever o conjunto de variáveis originais através da criação de um conjunto menor das variáveis latentes ortogonais (componentes principais) e verificar a participação de cada característica avaliada nos CP criados. Para isso, foram utilizados os valores genéticos (VG) padronizados de 389 touros que possuíam filhas participantes do controle leiteiro oficial e com um ou mais filho(a) com peso em pelo menos uma das idades estudadas.

O autovalor de um CP está associado à variação de todas as características incluídas nesse componente principal. E cada autovalor está associado a um autovetor (Rencher, 2002). Os autovetores indicam a magnitude e a direção do vetor em relação à importância de cada característica avaliada dentro do CP. O primeiro componente principal (CP1) explicará a maior parte da variância genética aditiva total, o segundo componente principal (CP2) explicará a segunda maior parte da variância genética aditiva total e assim sucessivamente, até que toda a variância seja explicada.

Sendo p o número de variáveis presentes em um conjunto de dados (nesse trabalho, p corresponde a seis características, sendo elas peso aos 120 dias, ao desmame, ao ano, ao sobreano, peso aos 24 meses de idade e P305), o CP_i é calculado por:

$$CP_i = a_{i1}X_1 + a_{i2}X_2 + \dots + a_{ij}X_j$$

em que $i = 1, 2, \dots, 6$ e $j = 1, 2, \dots, 6$, a_{ij} é o j -ésimo coeficiente padronizado na j -ésima variável do i -ésimo componente principal, e X_j é o j -ésimo valor da variável original. Os coeficientes padronizados foram calculados pela seguinte fórmula:

$$a_{ij} = \frac{\text{autovetor}_{ij}}{\sqrt{\text{autovalor}_j}}$$

A escolha do número de componentes principais foi feita com base no critério de Kaiser (1960), em que os componentes principais com autovalores acima de 1 (um) explicariam a maior parte da variação do conjunto de dados.

Outra análise multivariada realizada foi a de Agrupamento. O objetivo dessa análise foi verificar a existência de diferentes padrões de crescimento e de produção de leite nos reprodutores da raça presentes no arquivo de dados através da exploração dos seus perfis genéticos e a identificação de touros que contribuam para o melhoramento das características de interesse de acordo com o objetivo de seleção desejado (corte, leite ou duplo propósito). Foram realizadas as análises de agrupamento hierárquica e não hierárquica, utilizando os VGs padronizados para os pesos juntamente com os VGs padronizados para P305, provenientes de 389 touros com filhas participantes do controle leiteiro oficial e com um ou mais filhos(as) que possuíam a medida de peso em pelo menos uma das idades estudadas. As análises de CP e de agrupamento foram realizadas no software Statistica 8 (2008).

Resultados e Discussão

A estrutura dos arquivos de dados para os pesos (Tabela 1) demonstrou que ocorreu uma queda constante no número geral de observações de pesos com o avançar da idade dos animais, em decorrência da seleção que ocorre à medida em que os animais vão sendo

mensurados e avaliados. Há uma superioridade muito grande das informações de pesos corporais em relação às informações para a produção de leite.

Tabela 2 - Resumo da estrutura dos dados para análises bicaracterísticas de peso aos 120 dias (P120), à desmama (PD), ao ano (P365), ao sobreano (PSOBRE) e aos 24 meses (P24) e produção de leite acumulada aos 305 dias (P305).

P305	P120	PD	P365	PSOBRE	P24
Intervalo (dias)	75 a 165	175 a 235	335 a 395	520 a 580	700 a 760
N. de observações	97.394	65.181	50.443	40.425	31.279
leite	6.493	6.493	6.493	6.493	6.493
pesos	90.901	58.688	43.950	33.932	24.786
Touros	4544	4231	3911	3606	3422
Vacas	50239	41925	36048	31358	27449
GC P305	567	567	567	567	567
GC peso	14786	9832	7390	5520	4189
Média P305 (kg)	2087,43	2087,43	2087,43	2087,43	2087,43
Desvio Padrão (kg)	1004,56	1004,56	1004,56	1004,56	1004,56
Média peso (kg)	120,44	178,95	235,44	307,47	347,93
Desvio padrão (kg)	25,81	37,74	56,84	72,31	77,19

A média de P305 na raça Guzerá pode ser considerada baixa, quando comparada a raças especializadas, possivelmente por ser a seleção para a produção de leite mais recente e esta raça possui suas origens nos rebanhos de corte. Outra explicação para a menor P305 média, está relacionada aos sistemas de criação em que a raça Guzerá predomina que, em geral, são sistemas em pastagens, localizados em regiões semi-áridas do Brasil. A média observada (Tabela 2) foi semelhante à apresentada em outros estudos realizados com a mesma raça (Peixoto *et al.*, 2006).

Para P120, o valor médio encontrado foi inferior ao apresentado por Pelicioni *et al.* (2003), para a raça Guzerá. Já as médias de PD, P365, PSOBRE e P24 foram superiores aos valores apresentados por Pimenta Filho *et al.* (2001), Mucari e Oliveira (2003) e Souza *et al.* (2004). As estimativas de variâncias genéticas aditivas para os pesos (Tabela 2) apresentaram aumento proporcional em relação às variâncias fenotípicas, com o avanço da idade, resultando

em herdabilidades mais altas para os pesos em idades maiores. A variância de ambiente permanente materno para os dados de peso representou uma porcentagem menor da variância fenotípica, com uma diminuição significativa principalmente após o animal completar um ano de vida. As maiores variâncias para os pesos ocorreram para as variâncias residuais e estas aumentaram com o avançar das idades.

As herdabilidades estimadas para os pesos nas diferentes idades foram semelhantes ou próximas à literatura (Pelicioni *et al.*, 2009; Souza *et al.*, 2004, Pimenta Filho *et al.*, 2001; Pelicioni *et al.*, 2003; Costa *et al.*, 2009; Mucari e Oliveira, 2003). Para a P305, a herdabilidade estimada ($0,24 \pm 0,004$) foi semelhante a apresenta por Cruz *et al.* (2015), Santos *et al.* (2013, 2014) e Peixoto *et al.* (2006), em estudos com a raça Guzerá.

Tabela 2 - Estimativas de variâncias genéticas aditivas, de ambiente permanente, residual, fenotípica e herdabilidade para produção de leite acumulada aos 305 dias (P305), peso aos 120 dias (P120), ao desmame (PD), ao ano (P365), ao sobreano (PSOBRE) e peso aos 24 meses (P24) em análises bicaracterísticas. Erro padrão entre parênteses.

	$\sigma^2 a$	$\sigma^2 pe^*$	$\sigma^2 e$	$\sigma^2 f$	h^2
P305 **	139459	109229	357449	606137	0,23 (0,003)
	(0)	(0)	(9238,27)	(9238,23)	0,14 (0,01)
P120	31,64	17,44	176,45	225,53	0,17 (0,01)
	(2,20)	(1,04)	(1,67)	(1,35)	0,16 (0,01)
PD	64,49	39,15	303,50	407,14	0,17 (0,01)
	(5,06)	(2,62)	(3,91)	(3,03)	0,17 (0,01)
P365	114,20	31,99	509,78	655,98	0,17 (0,01)
	(9,55)	(4,49)	(7,42)	(5,59)	0,21 (0,02)
PSOBRE	190,57	40,09	654,27	884,93	0,21 (0,02)
	(15,92)	(7,23)	(11,86)	(8,77)	0,22 (0,020)
P24	210,33	27,09	728,72	966,13	0,22 (0,020)
	(20,25)	(9,73)	(11,06)	(11,06)	

* ambiente permanente materno para as características de peso e ambiente permanente direto para P305.

** média dos valores estimados nas cinco análises bicaracterísticas realizadas.

As correlações genéticas estimadas entre os pesos em diferentes idades e a P305 foram positivas e de magnitude moderada a baixa (Tabela 3), indicando uma baixa associação entre os valores genéticos (VGs) das características, embora no mesmo sentido. A magnitude e o

sinal das correlações genéticas parece estar associada com a origem dos dados (corte, leite ou de duplo propósito) e consequentemente aos objetivos de seleção.

Lin *et al.* (1985), estudando animais da raça Holandesa, estimaram correlações genéticas de 0,14 ($\pm 0,32$) e 0,40 ($\pm 0,28$) entre P305 e pesos entre os 350 e 462 dias de idade, e correlação negativa próxima a zero com o peso ao sobreano ($-0,07 \pm 0,37$), entretanto os erros padrões foram elevados. Segundo Oliveira *et al.* (1994), em fêmeas da raça Guzerá na primeira lactação, a correlação genética entre peso ao sobreano e a P305 foi negativa e próxima a zero ($-0,08 \pm 0,39$) e baixa e positiva para P24 ($0,12 \pm 0,33$) porém os resultados não foram significativos devido ao tamanho da população estudada.

Em estudo com rebanho de bovinos de corte, Lee e Pollak (2002) encontraram antagonismo genético entre peso corporal ao desmame e ao ano e a produção de leite ($-0,13 \pm 0,04$ e $-0,17 \pm 0,03$), diferentemente do encontrado no presente estudo. Os resultados do presente trabalho sugerem que a seleção para aumento de peso e produção de leite na população estudada pode apresentar baixa resposta correlacionada, mas não apresenta antagonismo genético.

Uma possível explicação para as correlações estimadas, pode ser pelo fato de que mesmo os rebanhos que selecionam para P305, tem origem em rebanhos com objetivo de seleção para corte, além de representar uma parcela menor de criadores, quando comparada aos rebanhos de Guzerá para corte no Brasil. Os programas de melhoramento genético para P305 são mais recentes que os programas para corte e portanto, os resultados da seleção para peso são mais consistentes que os resultados para P305.

As estimativas de correlações fenotípicas foram baixas ou próximas a zero (Tabela 3). Os valores estimados nesse trabalho indicam pequena relação entre peso e produção de leite, sendo o sistema de produção uma possível explicação para essa baixa magnitude. No sistema de produção de leite, a cria permanece sem contato com a vaca, exceto na ordenha para o estímulo para a descida do leite. A ingestão de leite pelas crias é proveniente do consumo do leite residual após a ordenha, pelo fornecimento de mamadeira ou ainda pela reserva de um quarto do úbere da mãe para o consumo do bezerro, dependendo do manejo do rebanho. Dessa forma, o leite consumido pelo bezerro é limitado pelo manejo e não pela habilidade genética de produção da matriz. Em sistema de produção com objetivo exclusivo para corte, as crias permanecem junto às matrizes até o desmame, sem restrição à quantidade de leite ingerido, o que pode levar a animais mais pesados, que serão posteriormente, os animais selecionados para crescimento.

Tabela 3 - Estimativas de correlações genéticas (1) e fenotípicas (2) entre produção acumulada de leite aos 305 dias (P305), peso aos 120 dias (P120), ao desmame (PD), ao ano (P365), ao sobreano (PSOBRE) e peso aos 24 meses (P24). Erro padrão entre parênteses.

	P305 X P120	P305 X PD	P305 X P365	P305 X PS	P305 X P24
1	0,35 (0,09)	0,29 (0,10)	0,38 (0,19)	0,28 (0,11)	0,27 (0,11)
2	-0,01 (0,03)	0,04 (0,04)	0,12 (0,04)	0,02 (0,04)	0,05 (0,04)

A análise de CP, realizada com os valores genéticos padronizados preditos para os touros com filhas participantes do controle leiteiro oficial e com filho(a) com peso em pelo menos uma das idades estudadas, indicou que dois componentes principais foram suficientes para modelar a estrutura de covariâncias genéticas entre as características estudadas. A soma dos dois primeiros autovalores, referentes à matriz de covariâncias genéticas aditivas, explicou 86,74% da variação genética total entre as características (Figura 1), sendo que o CP 1 explicou 70,74% da variância e foi fortemente influenciado pelas características de crescimento (pesos). A P305 apresentou maior participação no CP2, explicando 16% da variação genética total.

Figura 1. Autovalores e porcentagens das variâncias genéticas das características de produção de leite e pesos aos 120 dias, ao desmame, ao ano, ao sobreano e aos 24 meses de idade, explicadas pelos componentes principais.

Na Tabela 4, são apresentadas as correlações entre os VGs para as características com os componentes principais. O CP 1 apresenta altas correlações com os VGs das características de crescimento (pesos nas diferentes idades), enquanto o VG para a P305 apresenta maior

correlação com o CP2. A colaboração do VG para 305 no CP 1 indica baixa resposta à seleção, quando as características de peso forem utilizadas como objetivos de seleção.

Tabela 4 - Correlação dos valores genéticos das características em cada componente principal. As associações consideradas relevantes (r = igual ou maior que 0,70 / igual ou menor que - 0,7) foram destacadas em negrito.

Característica	CP 1	CP 2
VG_ P305	-0,23	-0,97
VG_ P120	-0,87	0,02
VG_ PD	-0,93	0,06
VG_ P365	-0,93	0,05
VG_ PSOBRE	-0,93	0,06
VG_ P24	-0,91	0,06

Na Figura 2, observa-se as relações entre os valores genéticos das características avaliadas. O comprimento e a direção dos vetores das variáveis do CP 1 sugerem que, quando escolhida uma idade para realizar a seleção para aumento do peso, uma resposta à seleção positiva e no mesmo sentido deve ocorrer para peso nas demais idades, e portanto, espera-se uma alta resposta correlacionada entre as características de pesos. A correlação entre o CP1 (pesos) e o CP2 (P305) indicou que as variáveis do eixo CP1 apresentam baixa associação genética com a variável do CP2. Essa baixa associação genética também pode ser verificada nas estimativas descritas na Tabela 3.

Figura 2 - Gráfico bidimensional do componente principal 1 e componente principal 2 (CP1 vs CP2) para os valores genéticos preditos para as características de crescimento (VG_P120, VG_PD, VG_P365, VG_PSOBRE e VG_P24) e de produção de leite (VG_P305).

As análises de agrupamento buscam complementar as análises dos CP, com maior detalhamento com a formação de grupos específicos de animais que poderiam atender diferentes objetivos de seleção.

A partir da análise hierárquica realizada com os VGs padronizados para os pesos nas cinco idades estudadas juntamente com os VGs padronizados para P305 pertencentes aos touros com filhas em controle leiteiro oficial e com um ou mais filhos(as) com a medida de peso em pelo menos uma das idades estudadas, foi gerado um dendrograma (Figura 3).

Figura 3 - Dendrograma baseado nos valores genéticos para P305, P120, PD, P365, PSOBRE e P24 dos touros nos dados leite e peso, obtido pela análise de agrupamento hierárquica pelo método de Ward. As linhas horizontais indicam as distâncias Euclidianas que dividiram os dados em dois (contínua), três (tracejada) e quatro (pontilhada) grupos.

Com base na visualização agrupamentos apresentados no dendrograma gerado pela análise hierárquica (Figura 3), foi realizada a divisão em 3 distâncias Euclidianas distintas para as análises não hierárquicas pelo método K-means, sendo essas divisões em 2, 3 e 4 grupos (representadas pelas linhas horizontais na Figura 3). Os resultados das análises não hierárquicas estão apresentados na Figura 4. As Figuras 4A e 4B mostram a divisão em dois e três grupos, respectivamente, onde é possível identificar perfis genéticos distintos para os animais, em especial caracterizando os animais com VGs superiores, inferiores ou próximos à média da população estudada para as características.

A

B

C

Figura 4 - Médias padronizadas dos valores genéticos (VG) para P305, P120, PD, P365, PSOBRE e P24 de touros da raça Guzerá, obtidas por análise de agrupamento não-hierárquica pelo método K-means, com dois (A), três (B) e quatro (C) grupos.

A Figura 4C, com divisão em 4 grupos, foi a mais informativa e mostrou maior detalhamento dos grupos formados, permitindo a melhor visualização dos diferentes perfis genéticos dos touros. Os grupos 1 e 2 representam os animais com maior potencial de seleção para peso, sendo que os animais eleitos para reprodução devem ser os que compõe o grupo 2. Observa-se que as tendências possuem o mesmo formato e para ambos os grupos, a P305 possui média negativa ou próxima a zero. Os grupos 3 e 4 representam melhor os animais com aptidão para produção de leite, sendo os animais que compõem o grupo 4 os que apresentam os maiores VGs para P305 e, portanto, os animais que devem ser utilizados como reprodutores das próximas gerações quando o objetivo de seleção for leite ou duplo propósito.

Conclusões

Os parâmetros genéticos estimados para a produção de leite e para pesos em diferentes idades indicam potencial de ganho genético por meio de seleção direta. As correlações genéticas entre as diferentes idades para peso e P305 foram positivas, mas de baixa magnitude, sugerindo que a seleção para peso e produção de leite possa ser realizada simultaneamente nos mesmos animais.

Por possuir diferentes padrões de crescimento e produção de leite, a raça Guzerá apresenta potencial genético para atender aos diferentes objetivos de seleção, seja ele a produção de carne, leite ou para produzir animais de duplo propósito, conforme indicaram as análise de componentes principais e de agrupamento.

Referências

- ABCZ. **Associação brasileira de criadores de zebu**). Disponível em: <<http://www.abcz.org.br/Home/Conteudo/23218-Apresentacao-do-PMGZ>> Acesso em: 20 abr. 2017.
- ANCP. Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores. Disponível em: <<http://www.ancp.org.br/pagina/29/guzera#.WfG4kMbOrGI>> Acesso em: 20 abr. 2017.
- COSTA, M. T. G. P.; SANCHES, A.; MUNARI, D. P. Estimação bayesiana de parâmetros genéticos de pesos corporais em um rebanho da raça Guzerá. **Nucleus Animalium**, Ituverava, v. 1, n. 1, p. 48-60, 2009.
- CRUZ, D. A. C.; PEIXOTO, M. G. C. D.; BRUNELI, F. A. T.; BIGNARDI, A. B.; EL FARO, L. Genetics Parameters of tes-day milk yield in Guzerá cattle under tropical conditions. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 4, p. 13.618-13.624, 2015.

FREITAS, L.S.; SILVA, M.A.; VERNEQUE, R.S.; VALENTE, B.D.; CORRÊA, G.S.; FERREIRA, R.F.; PEIXOTO, M.G.C.D.; SANTOS, G.G. Avaliação da persistência na lactação da raça Guzera, utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. Belo Horizonte, v. 68, p. 401–408, 2010.

LEE, C.; POLLAK, E. J. Genetic antagonism between body weight and milk production in beef cattle. **Journal of Animal Science**. v. 80, p. 316-321, 2002.

LIN, C. Y.; McALLISTER, A. J.; LEE, A. J. Multitrait Estimation of Relationships of First-Lactation Yields to Body Weight Changes in Holstein Heifers. **Journal of Dairy Science**, v. 68, p. 2954-2963, 1985.

MUCARI, T. B.; OLIVEIRA, J. A. Análise Genético-Quantitativa de Pesos aos 8, 12, 18 e 24 Meses de Idade em um Rebanho da Raça Guzera. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 6, p. 1604-1613, 2003.

OLIVEIRA, J. A.; BEZERRA, L. A. F.; BASTOS, J. F. P. Correlações genéticas e fenotípicas entre pesos e produção de leite na primeira lactação em fêmeas da raça Guzera. **Boletim de Indústria Animal**, v. 51, n.1, p. 7-11, 1994.

PEIXOTO, M. G. C. D.; VERNEQUE, R. S.; TEODORO, R. L.; PENNA, V. M.; MARTINEZ, M. L. Genetic trend for milk yield in Guzerat herds participating in progeny testing and MOET nucleus schemes. **Genetic and Molecular Research**. v. 5, n. 3, p. 454–465, 2006.

PELICIONI, L. C.; QUEIROZ, S. A.; ALBUQUERQUE, L. G. Estimativas de parâmetros genéticos para pesos ao nascer e mensais até 450 dias em bovinos Guzera. **Arquivo Latinoamericano de Produccion Animal**. v. 11, n. 1, p. 34-39, 2003.

PELICIONI, L. C.; ALBUQUERQUE, L. G.; QUEIROZ, S. A. Estimação de componentes de co-variância para pesos corporais do nascimento aos 365 dias de idade de bovinos Guzera empregando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 38, n. 1, p. 50-60, 2009.

PIMENTA FILHO, E. C.; MARTINS, G. A.; SARMENTO, J. L. R.; RIBEIRO, M. N.; MARTINS FILHO, R. Estimativas de Herdabilidade de Efeitos Direto e Materno de Características de Crescimento de Bovinos Guzera, no Estado da Paraíba. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 30, n. 4, p. 1220-1223, 2001.

SANTOS, D. J. A.; PEIXOTO, M. G. C. D.; BORQUIS, R. R. A.; VERNEQUE, R. S.; PANETTO, J. C. C.; TONHATI, H. Genetic parameters for test-day milk yield, 305-day milk yield and lactation length in Guzerat cows. **Livestock Science**. v. 152, n. 2-3, p. 114-119, 2013.

SANTOS, D. J. A.; PEIXOTO, M. G. C. D.; BORQUIS, R. R. A.; PANETTO, J. C. C.; EL FARO, L.; TONHATI, H. Predicting breeding values for milk yield of Guzera (*Bos indicus*) cows using random regression models. **Livestock Science**, v. 167, p. 41-50, 2014.

SOUZA, J. C.; MALHADO, C. H. M.; SILVA, L. O. C.; LEAL, T. L.; GOMES, C. M.; JACINTO, E. J.; FERRAZ FILHO, P. B. Parâmetros e tendência genética em bovinos da raça

guzerá na microrregião mata e agreste no nordeste do Brasil. **Revista Acadêmica: ciências agrárias e ambientais**, Curitiba, v. 2, n. 2, p. 47-52, 2004.

VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA, F.E.; ALBUQUERQUE, L.G.; FREITAS, A.F.; BORGES, L.E.; FERREIRA, J.J.; TEODORO, R.L.; FARIA, F.J.C. Parâmetros genéticos entre características de leite, de peso e a idade ao primeiro parto em gado mestiço (*Bos taurus* X *Bos indicus*). **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 59, n. 4, p. 983-990, 2007.