

UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
FACULDADE DE ZOOTECNIA E ENGENHARIA DE ALIMENTOS

VICTOR BRENO PEDROSA

**Utilização de diferentes metodologias para avaliação
genética de bovinos de corte**

PIRASSUNUNGA
2011

VICTOR BRENO PEDROSA

**Utilização de diferentes metodologias para avaliação
genética de bovinos de corte**

Tese apresentada à Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, como parte dos requisitos para a obtenção do Título de Doutor em Zootecnia.

Área de concentração: Qualidade e Produtividade Animal.

Orientador: Prof. Dr. Joanir Pereira Eler

PIRASSUNUNGA

2011

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação

Serviço de Biblioteca e Informação da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da
Universidade de São Paulo

P372u Pedrosa, Victor Breno
Utilização de diferentes metodologias para avaliação genética de bovinos de corte / Victor Breno Pedrosa. -- Pirassununga, 2011.
87 f.
Tese (Doutorado) -- Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos - Universidade de São Paulo.
Departamento de Ciências Básicas.
Área de Concentração: Qualidade e Produtividade Animal.
Orientador: Prof. Dr. Joanir Pereira Eler.

1. Herdabilidade 2. Correlações genéticas 3. Resposta à seleção 4. Avaliação de reprodutores. I. Título.

DEDICO:

A Deus, que ilumina minha vida e guia meus caminhos.

Aos meus pais, Carmen e Oscar, pela fundamental participação em minha formação intelectual e humana.

A minha irmã, Viviane, ao meu cunhado Sabino e a minha afilhada (linda) Gabi, pela torcida e apoio.

A minha esposa e amor da minha vida, Lica, pela paciência, companheirismo e carinho em todos estes anos.

Muito obrigado!!!

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Dr. Joanir Pereira Eler, pela orientação, amizade, ensinamentos e confiança depositada na realização deste trabalho.

Ao Prof. Dr. Eildert Groeneveld, pela co-orientação valiosa e grande auxílio para o desenvolvimento desta tese.

À FAPESP, pelo suporte financeiro para a execução deste trabalho.

À Agro-pecuária CFM pelos dados concedidos.

Ao Prof. Dr. José Bento Sterman Ferraz “Bento”, pela grande ajuda profissional e acadêmica, além da amizade.

Ao amigo Prof. Dr. Luis Fernando Pinto, pela ajuda em minha formação profissional e parceria.

A Profª. Rachel, pelo apoio, dedicação nas correções e amizade, desde os tempos de pós.

A amiga Elisângela “Li”, por todos ensinamentos, paciência e socorro nos piores e melhores momentos.

Aos Professores Gérson Mourão, César de Lima e Júlio Balieiro pela contribuição em minha formação e companheirismo.

Aos amigos do GMA, Aline Zampar (parceira da velha guarda), Sandra, Marcião, Minão, Roulber, Cucco, Marina, Rodrigão, Priscila, Mirele, Adarfa, Miguel, Jane, Fernando, Alessandra, Gérson, Leila, Sancho, Fernanda, Andrezza, Fábio, Gilson e Arnaldo, que estiveram ao meu lado, discutindo idéias e trabalhando em equipe. Desejo muito sucesso e tenho confiança no potencial de cada um de vocês.

Aos grandes amigos (irmãos), que sem dúvida ficarão para sempre, Martãn, Sabão, Tio Chico e Diogão, que estão e sempre estarão juntos comigo, aqui ou em qualquer lugar.

Aos amigos de República, Pijama, Moti, Pato, Pancinha, Mocréia, Traveco, Feijão, Palmito, Catota, Jão e Cupim (Prof. André), Lobão, Kadu e Keyla, sem palavras para definir todos os momentos, das bebedeiras, modas de viola, churrascos, conselhos, convivência e discussões acadêmicas.

Aos meus familiares, distantes fisicamente, mas jamais longe de meu coração.

Aos familiares da Lica, pelo apoio e carinho.

Aos amigos Doug, Jiló, Garça, Marreco, Toice (*in memorian*), Ishi, Simprão, Baiano, Zorro, Salame, Veia, Ilza, Flavinha, Balboa, Sara, Boi, Felipão (cumpadre), Eva e Uribinha que mesmo em épocas diferentes estiveram sempre presentes e me ensinaram que um dos prazeres da vida é a verdadeira amizade.

Aos grandes amigos da Alemanha (Mariensee), que me receberam de maneira espetacular e foram como uma segunda família para mim.

Aos Professores e Funcionários da FZEA pela oportunidade da realização do curso de pós-graduação.

E a todos que de forma direta e indireta contribuíram para a realização deste trabalho. Muito Obrigado.

RESUMO GERAL

PEDROSA, V. B. **Utilização de diferentes metodologias para avaliação genética de bovinos de corte.** 2011, 87 f. Tese (Doutorado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2011.

Com as constantes mudanças do sistema produtivo de bovinos de corte, e um mercado consumidor ainda mais exigente, o enfoque sobre a escolha de animais que apresentem qualidade e rendimento de carcaça é cada vez maior. Para que as reivindicações dos frigoríficos sejam atendidas, o criador necessita de ferramentas de avaliação genética que possam identificar com mais precisão os touros que serão, de fato, melhoradores para as características desejáveis. Com isso, este trabalho teve como objetivo: **(i)** Estimar os componentes de variância e covariância, e os parâmetros genéticos para a característica de musculabilidade em animais da raça Nelore; **(ii)** Estimar os componentes de variância e covariância, e os parâmetros genéticos para características de desenvolvimento ponderal (peso ao nascimento, peso a desmama, ganho de peso aos 345 dias) e reprodutivo (circunferência escrotal) em animais da raça Nelore; **(iii)** Estimar a correlação entre as características de musculabilidade, desenvolvimento ponderal e reprodutivo; **(iv)** Comparar as metodologias que consideram o grupo de manejo a desmama como efeito fixo e aleatório; **(v)** Comparar as metodologias uni, bi e multicaracterística e avaliar as vantagens em incluir nos programas de seleção, através do cálculo de resposta correlacionada, a característica de musculabilidade; **(vi)** Estimar as DEP's para as características de musculabilidade, desenvolvimento ponderal e reprodutivo; **(vii)** Comparar as metodologias multicaracterística e bivariadas na avaliação genética de touros, através do cálculo de perda de eficiência de seleção.

Palavras – chave: herdabilidade, correlações genéticas, resposta à seleção, avaliação de reprodutores.

ABSTRACT

PEDROSA, V. B. **Utilization of different methodologies for genetic evaluation of beef cattle.** 2011, 87 f. PhD Thesis – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2011.

With the constant changes in the beef cattle production system, and an even more demanding consumer market, the focus on the carcass yield and quality is increasing. For the slaughters claims to be met, the breeder needs a tool that can identify the bulls that will be, in fact, the improvers to those specific features. Therefore, this project aims to: **(i)** Estimate the variance and covariance components, and the genetic parameters for the muscle score trait in Nellore animals; **(ii)** Estimate the variance and covariance components, and the genetic parameters for the growth traits (birth weight, weaning weight, post-weaning gain) and reproductive traits (scrotal circumference) in Nellore animals; **(iii)** Estimate the correlation between muscle score, growth and reproductive traits; **(iv)** Compare methodologies that consider the weaning management group as fixed and random effects; **(v)** Compare uni, bi and multi-trait methodologies and evaluate the advantages to include in the animal breeding programs, by the correlated response, the muscle score trait; **(vi)** Estimate the EPD's for muscle score, growth and reproductive traits and **(vii)** Compare the multi-trait and bivariate methodologies in the genetic evaluation of bulls through the calculation of selection efficiency loss .

Key – words: heritability, genetic correlation, selection response and bulls evaluation.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

CAPÍTULO I: UTILIZAÇÃO DO GRUPO DE MANEJO A DESMAMA COMO EFEITO ALEATÓRIO PARA CARACTERÍSTICAS PÓS-DESMAMA NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE BOVINOS DA RAÇA NELORE.

- Figura 1** - Dispersões das DEPs para PN nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 20% melhores machos para os modelos A_GMANDES ($DEP \geq 0,5$) e F_GMANDES ($DEP \geq 0,5$)..... 42
- Figura 2** - Dispersões das DEPs para PD nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 20% melhores machos para os modelos A_GMANDES ($DEP \geq 4,5$) e F_GMANDES ($DEP \geq 4,5$)..... 42
- Figura 3** - Dispersões das DEPs para CE nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 20% melhores machos para os modelos A_GMANDES ($DEP \geq 0,7$) e F_GMANDES ($DEP \geq 0,7$)..... 43
- Figura 4** - Dispersões das DEPs para GP nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 20% melhores machos para os modelos A_GMANDES ($DEP \geq 4,0$) e F_GMANDES ($DEP \geq 4,0$)..... 43
- Figura 5** - Dispersões das DEPs para MUSC nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 20% melhores machos para os modelos A_GMANDES ($DEP \geq 0,15$) e F_GMANDES ($DEP \geq 0,15$)..... 44

CAPÍTULO II: COMPARAÇÃO DE MODELOS UNI, BI e MULTICARACTERÍSTICA NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM ANIMAIS DA RAÇA NELORE.

Figura 1 - Variâncias genética aditiva, residual e fenotípica estimadas em análises uni, bi e multicaracterísticas para peso ao nascer (PN).....	56
Figura 2 - Variâncias genética aditiva, residual e fenotípica estimadas em análises uni, bi e multicaracterísticas para peso ao nascer (PD).....	56
Figura 3 - Variâncias genética aditiva, residual e fenotípica estimadas em análises uni, bi e multicaracterísticas para peso ao nascer (CE).....	57
Figura 4 - Variâncias genética aditiva, residual e fenotípica estimadas em análises uni, bi e multicaracterísticas para peso ao nascer (GP).....	57
Figura 5 - Variâncias genética aditiva, residual e fenotípica estimadas em análises uni, bi e multicaracterísticas para peso ao nascer (MUSC).....	58

CAPÍTULO III: COMPARAÇÃO ENTRE AS ANÁLISES BIVARIADAS E MULTICARACTERÍSTICA NA PERDA DE EFICIÊNCIA DE SELEÇÃO EM BOVINOS DE CORTE.

Figura 1 - Índice de seleção para os machos top 10, 1%, 10% e 30%, utilizando os métodos multivariado conjunto e o bivariado.....	82
--	-----------

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Rebanhos e exportações de carne bovina em vários países no ano 2009.... 14

CAPÍTULO I: UTILIZAÇÃO DO GRUPO DE MANEJO A DESMAMA COMO EFEITO ALEATÓRIO PARA CARACTERÍSTICAS PÓS-DESMAMA NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE BOVINOS DA RAÇA NELORE.

Tabela 1 - Número de animais (N), número de grupos de contemporâneo (N_GC), mínimo (MIN_AN) e máximo (MAX_AN) de animais por grupo de contemporâneo, das características em estudo para os modelos utilizando o grupo de manejo a desmama incluído como efeito fixo (F_GMANDES) e como efeito aleatório (A_GMANDES)..... 35

Tabela 2 - Estatísticas descritivas das características em estudo..... 35

Tabela 3 - Estimativas de componentes de variância para as características estudadas, de acordo com o modelo de análise..... 37

Tabela 4 - Coeficientes de herdabilidade dos efeitos genéticos, direto e materno (diagonal) e correlação genética entre as peso ao nascimento (PN), peso a desmama (PD), circunferência escrotal (CE), ganho de peso pós-desmama (GP) e musculosidade (MUSC) (acima da diagonal)..... 40

Tabela 5 - Valores do log da verossimilhança para cada característica avaliada no Período pós-desmama e o resultado do teste da razão de verossimilhança (LRT) obtido em análise uni-característica.)..... 41

CAPÍTULO II: COMPARAÇÃO DE MODELOS UNI, BI e MULTICARACTERÍSTICA NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM ANIMAIS DA RAÇA NELORE.

Tabela 1 -	Estatística descritiva das características, peso ao nascimento (PN), peso a desmama (PD), circunferência escrotal (CE), ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) e musculabilidade (MUSC).....	50
Tabela 2 -	Coefficientes de herdabilidade dos efeitos genéticos, direto e materno (diagonal) e correlação genética entre as peso ao nascimento (PN), peso a desmama (PD), circunferência escrotal (CE), ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) e musculabilidade (MUSC) (acima da diagonal).....	59
Tabela 3 -	Estimativas de progresso genético esperado, em valor absoluto e como percentual em relação à média, para o peso ao nascimento (PN), peso a desmama (PD), circunferência escrotal (CE), ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) e musculabilidade (MUSC).....	62

CAPÍTULO III: COMPARAÇÃO ENTRE AS ANÁLISES BIVARIADAS E MULTICARACTERÍSTICA NA PERDA DE EFICIÊNCIA DE SELEÇÃO EM BOVINOS DE CORTE.

Tabela 1 -	Estatística descritiva das características, peso ao nascimento (PN), peso a desmama (PD), circunferência escrotal (CE), ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) e musculabilidade (MUSC).....	71
Tabela 2 -	Perda de eficiência de seleção de acordo com o número de animais selecionados.....	77
Tabela 3 -	Porcentagem de re-classificação dos machos selecionados (TOP 10), comparando-se os métodos multivariado conjunto com o bivariado para peso ao nascer (PN), peso a desmama (PD), ganho de peso pós-desmama (GP), musculabilidade (MUSC), circunferência escrotal (CE) e índice empírico de seleção (ÍNDICE).....	79

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	14
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	16
3. OBJETIVOS	22
4. MATERIAL E MÉTODOS	23
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	27

CAPÍTULO I: Utilização do grupo de manejo a desmama como efeito aleatório para características pós-desmama na estimação de parâmetros genéticos de bovinos da raça Nelore.

1. RESUMO	32
2. INTRODUÇÃO	33
3. MATERIAL E MÉTODOS	34
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	37
5. CONCLUSÕES	44
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	45

CAPÍTULO II: Comparação de modelos uni, bi e multicaracterística na estimação de parâmetros genéticos em animais da raça Nelore.

1. RESUMO	48
2. INTRODUÇÃO	49
3. MATERIAL E MÉTODOS	50
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	55
5. CONCLUSÕES	64

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	64
--	-----------

CAPÍTULO III: Comparação entre as análises bivariadas e multicaracterística na perda de eficiência de seleção em bovinos de corte.

1. RESUMO	68
2. INTRODUÇÃO	69
3. MATERIAL E MÉTODOS	70
4. RESULTADOS	76
5. DISCUSSÃO	83
6. CONCLUSÕES	84
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	84
5. IMPLICAÇÕES FINAIS	87

1. INTRODUÇÃO

Diversas teorias do viés causado por avaliações genéticas, univariadas e bivariadas ou mesmo, que utilizem modelos que contemplem grupos de contemporâneo com baixa variabilidade são constantemente discutidas, particularmente em análises que consideram um índice de seleção empírico como fator classificatório no ranqueamento dos touros. Por esta razão, análises multicaracterística que consideram em uma única avaliação conjuntamente, todas as características utilizadas no índice de seleção, além da formação de grupos de contemporâneo consistentes, vem sendo recomendadas por diversos autores (Henderson e Quaas, 1976; Thompson e Meyer, 1986; Kovac e Groeneveld, 1990; Meyer, 1991), pois elas podem aumentar a acurácia da avaliação e conseqüentemente a resposta a seleção, tornando possível a diminuição do viés durante o processo de seleção.

Diante deste contexto, está inserida a importância de se avaliar os reprodutores com sêmen disponível para comercialização e de touros utilizados em programas de melhoramento genético, por meio de mensurações de características produtivas e reprodutivas de suas progênes. Assim, faz-se necessário avaliar diferentes modelos e metodologias de análise com o objetivo de estimar de maneira mais acurada os componentes de (co)variância e valores genéticos, aumentando, conseqüentemente, a eficácia da seleção genética.

Os modelos de avaliação genética incluem os grupos contemporâneos (GC) para remover o efeito de variação, devido às diferentes condições ambientais a que os animais são submetidos em cada fase do seu desenvolvimento. Nas avaliações genéticas em bovinos de corte são considerados nos modelos matemáticos os grupos de manejo em diferentes fases do desenvolvimento. Esses grupos são, em geral, concatenados entre si e com outros efeitos fixos para a formação dos GCs. O GC de pós-desmama é formado pela concatenação de efeitos fixos da fase de desmama com efeitos fixos da fase pós-desmama. Quando se

concatenam os efeitos para formação dos GCs de uma característica pós-desmama ocorre a formação de muitos GCs com poucas observações em cada um deles. Alguns autores optam pela exclusão destes grupos sem, no entanto, discutirem as conseqüências destas perdas de informação para as avaliações genéticas (Vasconcelos et al., 2008).

O rigor na predição dos valores genéticos é fundamental no processo seletivo (Pollak e Quaas, 1983). O valor genético é função da variância genética aditiva e a acurácia da predição depende da variância do erro de predição, que por sua vez depende, em grande parte, do número de observações com que cada animal contribui para a avaliação e de sua distribuição nos GCs. Desta maneira, eliminar GCs com pequeno número de observações pode proporcionar viés em na predição genética (Henderson 1975). A inclusão do grupo de manejo a desmama como efeito aleatório no modelo e sua exclusão como parte do GC permite uma drástica redução do número de GCs com poucas observações e mesmo que haja uma pequena redução nas estimativas de herdabilidade, os dados serão ajustados para esse efeito e os grupos de contemporâneo pós-desmama serão mais consistentes.

Em bovinos de corte, as características associadas ao crescimento e produção de carne como peso ao nascer (PN), peso a desmama (PD), ganho de peso pós-desmama (GP), musculosidade (MUSC) e ainda, relacionadas com a reprodução, como circunferência escrotal (CE) são importantes para a eficiência dos sistemas de produção e são constantemente considerados como critério de seleção em programas de melhoramento genético. No entanto, devido à grande demanda computacional ocasionada pela necessidade de resolução de complexos modelos matemáticos, análises univariadas e bivariadas são constantemente realizadas pelos geneticistas para estimar os componentes de (co)variância, herdabilidades, correlações genéticas e valores genéticos (Henderson, 1984; Meyer et al., 1993; Villanueva et al., 1993; Ramírez-Valverde et al., 2007).

No entanto, nos últimos anos, as melhorias dos recursos de computação permitem fácil manuseio de um grande conjunto de dados e modelos matemáticos, que podem ser analisados em conjunto com todas as características incluídas no processo de seleção (Nogueira et al., 2002). Vários estudos (Eler et al., 1995; Bennett e Gregory, 1996; Ramírez-Valverde et al., 2007) têm demonstrado que análises multicaracterística são viáveis e apresentam melhores resultados em comparação com as análises bivariadas para diferentes raças de bovinos de corte.

Com isso, este trabalho teve como objetivos: **(i)** Estimar os componentes de variância e covariância, e os parâmetros genéticos para a característica de musculosidade em animais da raça Nelore; **(ii)** Estimar os componentes de variância e covariância, e os parâmetros genéticos para características de desenvolvimento ponderal (peso ao nascimento, peso a desmama, ganho de peso aos 345 dias) e reprodutivo (circunferência escrotal) em animais da raça Nelore; **(iii)** Estimar a correlação entre as características de musculosidade, desenvolvimento ponderal e reprodutivo; **(iv)** Comparar as metodologias que consideram o grupo de manejo a desmama como efeito fixo e aleatório; **(v)** Comparar as metodologias uni, bi e multicaracterística e avaliar as vantagens em incluir nos programas de seleção, através do cálculo de resposta correlacionada, a característica de musculosidade; **(vi)** Estimar as DEP's para as características de musculosidade, desenvolvimento ponderal e reprodutivo; **(vii)** Comparar as metodologias multicaracterística e bivariadas na avaliação genética de touros, através do cálculo de perda de eficiência de seleção.

2. REVISÃO DE LITERATURA

Atualmente, a produção de carcaças de peso adequado e com quantidade mínima de cobertura de gordura, de forma a garantir a qualidade da carne e de rendimento de carcaça, é um dos principais interesses dos produtores de bovinos. Este fato é comprovado visto que os

frigoríficos pagam melhor e, muitas vezes exigem, que os criadores entreguem bois entre 17 e 18 arrobas, bem acabados e com boa cobertura de gordura melhorando os resultados para o frigorífico e sendo factível para o pecuarista, que dispõe de genética superior e voltada para esse enfoque (Sugisawa et al., 2006).

O crescimento e o desenvolvimento de bovinos de corte e os mecanismos que controlam essas mudanças vêm sendo intensamente pesquisados nas últimas décadas (Berg & Buterfield, 1979; Leme, 1993; Lanna & Packer, 1998; Luchiari Filho, 2000). Os critérios de seleção têm se baseado, quase que exclusivamente, em pesos corporais em diferentes idades ou função destes pesos, como ganhos médios diários ou dias para atingir determinado peso (Pedrosa, 2006).

Assim, os critérios mais utilizados na seleção genética tem sido o rápido crescimento dos tecidos ósseos, muscular e adiposo, pois os criadores de bovinos de corte visam uma produção econômica que está estritamente relacionada com o rápido crescimento animal (Luchiari Filho, 2000).

Crescimento animal pode ser resumido como um aumento do tamanho ou peso e ainda, mais precisamente, pode ser considerado como o acúmulo dos tecidos corporais durante a vida do animal. Os tecidos de maior importância para a cadeia da carne seriam os, músculos, ossos e gordura (Guedes, 2005). Diante disso, torna-se importante estimar os parâmetros genéticos e estudar as correlações genéticas existentes entre as características de musculabilidade e desempenho ponderal, sendo parte importante de um estudo amplo que visa à determinação dos critérios de seleção e a predição dos efeitos da seleção de uma característica, bem como, seu impacto sobre outras características de interesse econômico (Van Melis et al., 2003).

A avaliação de carcaça por escores visuais pode garantir a economicidade do processo produtivo, pois possibilita a determinação do grau de terminação e de desenvolvimento

muscular dos animais sem necessidade de submetê-los a mensurações, o que minimiza o estresse dos animais, e torna o processo mais ágil e de baixo custo (Koury Filho et. al., 2006; Faria et. al., 2008a). Portanto antecipar a avaliação do acabamento de carcaça e a cobertura de gordura, vai exatamente de encontro ao que é desejado pelos frigoríficos, podendo ser ajustado diretamente para atender as suas exigências, resultando em lucratividade e otimização do sistema para o criador.

Aumentar o rendimento e a qualidade de carcaça com a finalidade de atender o mercado externo e manter o país em posição privilegiada no ranking das exportações mundiais de carne bovina exige um melhoramento genético dos animais e principalmente das características de acabamento de carcaça, que serão necessárias para atender o consumidor estrangeiro. Para que estas exigências sejam atendidas, o primeiro passo no desenvolvimento de um sistema de avaliação genética consistirá em identificar e definir as características de importância econômica e/ou características favoravelmente correlacionadas a essas (Pereira et al., 2002).

Parnell (2001) revela ser uma das grandes preocupações de seleção nos dias atuais, a busca por animais com rápido crescimento, com bons indicadores de qualidade de carcaça e, além disso, que envolvam aumento da eficiência reprodutiva e do peso dos animais, fatores que isoladamente ou em conjunto incrementam a rentabilidade.

Quanto ao aspecto reprodutivo, aumentar a eficiência quer dizer elevar os índices de natalidade e conseqüentemente o número de animais desmamados, tornando possível obter melhor rendimento econômico, uma vez que estes índices quando baixos, tornam praticamente impossível à seleção de novilhas para a reposição, principalmente em regiões com regime de criação extensiva e manejo inadequado (Parnell, 2001).

Segundo Luchiari Filho (2000), a eficiência reprodutiva é uma das medidas mais importantes de produção e deve ser considerada para alcançar taxas mais elevadas de

crescimento e desenvolvimento. O autor relata ainda que por eficiência reprodutiva entende-se não somente a habilidade de parir, mas também a de conceber um produto que possa ser levado até o peso de abate com um bom acabamento de carcaça, atendendo as exigências do mercado interno e externo.

O país ocupa atualmente posição de destaque no mercado mundial de exportação bovina, juntamente com três outros grandes centros (União Européia, Estados Unidos e Austrália). Estes países, com um rebanho total de 380 milhões de bovinos (Tabela 1), representam a grande maioria (85%) do mercado exportador do mundo.

Tabela 1. Rebanhos e exportações de carne bovina em vários países no ano 2009.

País/região	Número de animais (milhões de cabeças)	Exportações (Mton carcaça)
Brasil	174,3	1738
Estados Unidos	95,6	934
União Européia (UE) ¹	87,7	100
Austrália	28,8	1350
Mundo	976,6	7588

¹ Grande parte das exportações na UE permanecem dentro da UE.

Fonte: Anualpec, 2009.

O Brasil hoje possui um potencial invejável para produção de carne, com o maior rebanho comercial do mundo, de 174 milhões de bovinos (Anualpec, 2009), abundância de terras aptas para pastagem, e custos de produção competitivos. Apesar disto, o desfrute é baixo, e a comercialização do produto deixa a desejar. Por exemplo, a Austrália com um rebanho menor, consegue exportar um volume maior e, além disso, com uma remuneração melhor pelo seu produto. Diante deste aspecto, pesquisas com o intuito de verificar as

vantagens da inclusão de características de acabamento de carcaça em programas de melhoramento genético animal, tornaram-se cada vez mais relevantes.

Diversos autores como Yokoo et al., (2009), Faria et al., (2008a), Pedrosa (2006), Koury Filho et al., (2006), Van Melis (2001), Ferraz e Eler (2008), Johnston et al., (1996) e Eler et al. (1996) que avaliaram em trabalhos recentes as herdabilidades das características de escore visual, entre elas a musculosidade, obtiveram resultados de valor moderado a alto. Os coeficientes de herdabilidades encontrados por estes autores variaram de (0,21) a (0,49) para a característica em questão.

Para as características de desenvolvimento ponderal, os coeficientes de herdabilidade obtidos por Lôbo et al., (1994), Magnabosco et al., (1998), Eler et al., (2000), Pereira (2002), Silva et al., (2001), Van Melis et al., (2003), para o peso ao nascimento, avaliando rebanhos da raça Nelore, demonstram ser esta uma característica herdável. Para o peso a desmama os valores de herdabilidade para os efeitos genéticos aditivos diretos resultantes de estudos realizados por Eler et al. (2000), Lôbo et al. (2000) e mais recentemente Ribeiro et al. (2007a) utilizando a raça Nelore e Ribeiro et al. (2007b) para raça Tabapuã, demonstram ser esta uma característica de herdabilidade, moderada a alta.

A circunferência escrotal é a principal característica reprodutiva utilizada em programas de melhoramento genético de gado de corte, por ser de fácil mensuração e de baixo custo. Autores como Eler et al., (1996), Quirino e Bergmann, (1998) e mais recentemente, Eler et al., (2006) e Silva et al., (2006) em estudos com a raça Nelore, relataram altas herdabilidades para a característica em questão.

As correlações entre as características de escore visual e as características de desenvolvimento ponderal apresentaram valores significativos em trabalhos recentes, como apresentado por Faria et al., (2008a), Pedrosa (2006), Koury Filho (2001), Marcondes et al., (1998). Em trabalhos com a raça Nelore, referentes as correlações entre características de

musculosidade e circunferência escrotal, os resultados apresentaram alta correlação entre estas variáveis, como citado por Faria et. al., (2008b), Koury Filho et al., (2006) e Cyrillo et al., (2001), demonstrando a importância da utilização destas características como critério de seleção.

As raças zebuínas, com destaque para a raça Nelore, têm sistematicamente ocupado um lugar privilegiado no processo de produção de carne, na abertura de novas fronteiras e no desenvolvimento da pecuária brasileira. Segundo Santiago (1972) “Nenhum empreendimento voltado para a produção de carne pode prescindir dessa raça”.

O Nelore vem sendo utilizado em larga escala desde o início do século passado principalmente nas regiões Sudeste e Centro-Oeste. Os principais motivos do rápido desenvolvimento da raça no país podem ser: a utilização de touros geneticamente superiores e de alta fertilidade identificados pelos diferentes programas de melhoramento genético; a precocidade de acabamento e alta prolificidade e adaptabilidade da raça a diferentes condições de criação e manejo. Segundo Santiago (1983), tanto nos plantéis altamente selecionados, como nas criações em regime extensivo, os representantes da raça Nelore normalmente superam os concorrentes de outras raças indianas, no que se refere à resistência, a rusticidade, a prolificidade, precocidade e produtividade. Estes fatores, além de mostrar a importância da raça Nelore para o Brasil, demonstram que devem ser realizados trabalhos com a raça, que considerem conjuntamente as diversas características de interesse econômico para a pecuária nacional.

3. OBJETIVOS

O presente estudo tem por objetivos:

- (i) Estimar os componentes de variância e covariância, e os parâmetros genéticos para a característica de musculosidade em animais da raça Nelore;
- (ii) Estimar os componentes de variância e covariância, e os parâmetros genéticos para características de desenvolvimento ponderal (peso ao nascimento, peso a desmama, ganho de peso aos 345 dias) e reprodutivo (circunferência escrotal) em animais da raça Nelore;
- (iii) Estimar a correlação entre as características de musculosidade, desenvolvimento ponderal e reprodutivo;
- (iv) Comparar as metodologias que consideram o grupo de manejo a desmama como efeito fixo e aleatório;
- (v) Comparar as metodologias univariada, bivariada e multicaracterística e avaliar as vantagens em incluir nos programas de seleção, através do cálculo de resposta correlacionada, a característica de musculosidade;
- (vi) Estimar as DEP's para as características de musculosidade e desenvolvimento ponderal e reprodutivo;
- (vii) Comparar as metodologias multicaracterística e bivariadas na avaliação genética de touros, através do cálculo de perda de eficiência de seleção.

4. MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste estudo foram obtidos junto ao Grupo de Melhoramento Animal, da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo (GMA-FZEA/USP), em Pirassununga, São Paulo. As características avaliadas referem-se ao controle de desenvolvimento ponderal e reprodutivo de animais da raça Nelore, provenientes de quatro rebanhos localizados no Oeste de São Paulo e no Mato Grosso do Sul pertencentes à empresa Agropecuária CFM Ltda.

Os rebanhos são explorados para a venda de reprodutores geneticamente avaliados. Os touros geneticamente superiores são comercializados por fazendas ou em leilões. O sistema de criação a campo é adotado nas fazendas do grupo, com suplementação de sal mineralizado à vontade. Os rebanhos são, sistematicamente, vacinados contra febre-aftosa, brucelose, carbúnculo, pneumoenterite e raiva, fazendo-se, também, o controle de ecto/endoparasitas e tuberculose.

O conjunto de dados inicial contém 431.224 animais no banco de dados, e 505.840 registros no arquivo de pedigree originários de animais nascidos entre 1984 e 2008. O banco de dados contém informações de identificação do animal, pai, mãe, grupo de contemporâneo, ano da medida, idade na mensuração, musculosidade, pesos ao nascimento, a desmama, ganho de peso pós-desmama e circunferência escrotal.

A característica de musculosidade é mensurada com base em escores visuais, variando de 1 a 5, em escala progressiva do indesejável ao desejável. Esta medida é realizada após a visualização do lote de animais, no qual é atribuída uma nota, para depois ser visualizado e atribuído nota a cada um dos animais do lote. O efeito fixo incluído nos modelos para musculosidade é o de grupo contemporâneo e como covariáveis, a idade na mensuração e a data juliana de nascimento. As mensurações da característica de musculosidade, não são pré-

ajustadas, uma vez que o modelo de análise genética tem a capacidade de fazer estes ajustes por si mesmo.

As características de desenvolvimento ponderal são mensuradas no momento da pesagem, antecedidas por jejum de 12 horas, de acordo com o período de avaliação: nascimento, desmama (em torno dos 205 dias), sobreano (por volta dos 550 dias) e ganho de peso pós-desmama (ao final da prova de ganho de peso, ao redor de 345 dias). Os efeitos fixos e as covariáveis, para estas características, são os mesmos considerados para a característica de escore visual.

A variável reprodutiva, circunferência escrotal, é mensurada nos animais com idade ao redor de 18 meses, utilizando-se fita métrica apropriada para tal aferição. Assim como para as características mencionadas anteriormente, serão considerados os grupos de contemporâneo como efeito fixo, e a idade no momento da medição e a data juliana de nascimento, como covariáveis.

O sistema de determinação dos grupos de contemporâneos (GC) terá por base a classificação dos indivíduos pertencentes ao mesmo ano de nascimento, sexo, fazenda e grupo de manejo (de acordo com a característica mensurada).

A metodologia de avaliação de características de escore visual é de classificação simples e de baixo custo, além de ser muito importante quando se considera a heterogeneidade da produção pecuária e do mercado consumidor no Brasil. Essa classificação representa um avanço significativo, por se tornar uma ferramenta importante para o criador, que terá como selecionar precocemente seu rebanho visando o abate de animais não somente pesados, mas com características exigidas pelo frigorífico, e passíveis de premiação.

Os modelos de análises a serem adotados, para peso ao nascimento e a desmama, estão descritos em “a” e para as demais características mensuradas, encontra-se descrito em “b”, a saber:

Modelo “a”:

$$y = X\beta + Za + Wm + Spe + e,$$

Modelo “b”:

$$y = X\beta + Za + e,$$

em que y é o vetor para as n observações, β é o vetor de p grupos contemporâneos, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos a serem preditos; X é uma matriz de incidência de ordem $n \times p$, associando cada observação a cada grupo contemporâneo e Z é uma matriz quadrada, de ordem N , que relaciona as observações de y com os respectivos efeitos genéticos aditivos dos animais, contidos em a , W e S são as matrizes de efeitos genéticos aditivos maternos e dos efeitos aleatórios permanentes de ambiente da vaca, respectivamente, m é o vetor dos efeitos aleatórios genéticos aditivos maternos; pe é o vetor dos efeitos aleatórios permanentes de ambiente da vaca; e representa o vetor de resíduos.

As pressuposições assumidas para a aplicação destes modelos foram: $E[a] = E[e] = 0$ e $E[y|a] = Xb$. A distribuição conjunta dos efeitos aleatórios pode ser descrita pela seguinte relação:

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I_N\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

em que: σ_a^2 = variância genética aditiva direta; A = matriz dos coeficientes de parentesco, de Wright, entre os animais; σ_e^2 = variância residual; I = matriz identidade de ordem N ; N = número de matrizes com observações.

Os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos foram estimados pelo método REML utilizando o programa VCE6 (Groeneveld, 2008), sob modelo animal. Os valores genéticos foram estimados pelo software PEST2 (Groeneveld, 2009).

Para o cálculo da perda de eficiência de seleção foi assumido que a análise multicaracterística é a metodologia correta em comparação ao modelo bivariado, como demonstrado por Meyer, (1991). Além disso, existe uma boa razão para seguramente assumir esta afirmação, já que é impossível fazer seleção para apenas duas características separadamente, sem afetar outras importantes características de produção. Desta maneira, os valores genéticos da análise multicaracterística, foram considerados como os valores genéticos “verdadeiros”.

Portanto, foram obtidas as médias das DEPs para as duas diferentes metodologias, que foi a base para o cálculo da perda de eficiência de seleção. Os animais foram rankeados para quatro diferentes intensidades de seleção (top 10, 1%, 10% e 30%), e posteriormente o ranking da metodologia multicaracterística (MULTI) foi comparado com o ranking do método bivariado de análise (BI), considerando somente os valores das DEPs obtidas pela análise multicaracterística (valores genéticos “verdadeiros”) em ambos os rankings.

A porcentagem da perda de eficiência de seleção foi computada através do cálculo indicado abaixo:

$$\text{Porcentagem da perda de eficiência de seleção: } 100 - [(BI/MULTI) * 100]$$

Para o cálculo da resposta correlacionada foi utilizada a seguinte metodologia:

$$RC_Y = i_X h_X r_{g_{XY}} \sigma_{gY},$$

em que:

RC_Y = resposta correlacionada em Y;

i_X = intensidade de seleção aplicada em X;

h_X = raiz quadrada da herdabilidade de X;

$r_{g_{XY}}$ = correlação genética entre X e Y;

σ_{gY} = desvio-padrão genético de Y.

Para realização da simulação de resposta correlacionada, foram utilizadas como critério de seleção as características que apresentaram maior capacidade de resposta à seleção, no presente estudo.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ANUALPEC, Anuário da pecuária brasileira, FNP Consultoria e Comércio, editora Argos, 2009.

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

BERG, R.T.; BUTERFIELD, R.M. **Nuevos Conceptos sobre el desarrollo del ganado vacuno**. Zaragoza: Acríbia, 1979. 297 p.

CYRILLO, J.N.S.G., RAZOOK, A.G., FIGUEIREDO, L.A. et al.. Estimativas de tendências e parâmetros genéticos do peso padronizado aos 378 dias de idade, medidas corporais e perímetro escrotal de machos Nelore de Sertãozinho, SP. **Revista Brasileira de Zootecnia** v. 30, n. 1, p. 56-65, 2001.

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

ELER, J. P.; FERRAZ, J.B.S. ; SILVA, P. R. . Parâmetros Genéticos para peso, avaliação visual e circunferência escrotal na raça Nelore, estimados por modelo animal. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, MG, v. 48, n. 2, p. 203-213, 1996.

ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; GOLDEN, B.L.; PEREIRA, E. Influência da interação touro x rebanho na estimação da correlação entre efeitos genéticos direto e materno em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.1642-1648. 2000.

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**, v.5, p.565-570, 2006.

FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G.; REYES, A.L.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. Análise genética para escores de avaliação visual com modelos bayesianos de limiar e linear. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.43, p.835-841, 2008a.

FARIA C.U.; MAGNABOSCO C.U.; ALBUQUERQUE L.G.; REYES A.L.; BEZERRA L.A.F.; LÔBO R.B. Estimativas de correlações genéticas entre escores visuais e características de crescimento em bovinos da raça Nelore utilizando modelos bayesianos linear-limiar. **Ciência Animal Brasileira**. v.9, p.327-340, 2008b.

FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P. **Súmario de Touros Nelore 2008**. Pirassununga: Agro-Pecuária CFM Ltda, 2008. 55p.

GROENEVELD, E., KOVAC, M. A note on multiple solutions in multivariate restricted maximum likelihood covariance component estimation. **Journal of Dairy Science**, v.73, p. 2221–2229, 1990.

GROENEVELD, E., M. KOVAC, AND N. MIELENZ. **VCE User's guide and reference manual**. Version 6.0. Department of Animal Science, University of Illinois, Urbana, IL, 2008.

GROENEVELD, E., M. KOVAC, AND N. MIELENZ. **PEST2 User's guide and reference manual**. Version 2.0. Department of Animal Science, University of Illinois, Urbana, IL, 2009.

GUEDES, C. F. **Desempenho produtivo e características de carcaça das progênes de touros representativos da raça Nelore e de diferentes grupos genéticos**. 2005. 100 p. Dissertação (Mestrado). Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos. USP, Pirassununga.

HENDERSON, C.R. Comparison of alternative sire evaluation methods. **Journal of Dairy Science**, v.41, p.760-770, 1975.

HENDERSON, C. R. & QUAAS, R. L. Multiple trait evaluation using relatives' records. **Journal of Animal Science**, v.43, p.1188-1197, 1976.

HENDERSON, C. R. Estimation of variances and covariances under multiple trait models. **Journal of Dairy Science**, v.67, p. 1581-1589, 1984.

JOHNSTON, D.J., CHANDLER, H.; GRASER, H.U. Genetic parameters for cow weight and condition score Angus, Hereford and Poll Hereford cattle. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 47, p. 1251-1260, 1996.

KOURY FILHO, W. **Análise genética de escores de avaliações visuais e suas respectivas relações com desempenho ponderal na raça Nelore**. 2001. 82 f. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2001.

KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L.G.; ALENCAR, M.M.; FORNI, S.; CHIQUITELLI NETO, M. Genetic parameter estimation of visual score traits and their relationship with growing traits in Brazilian Nelore cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006 Belo Horizonte, Brazil. **Proceedings...** Belo Horizonte, Brazil: WCGALP, 2006. cd –rom.

KOVAC, M., AND GROENEVELD, E. Multivariate genetic evaluation in swine combining data from different testing schemes. **Journal of Animal Science**, v.68, p.3507-3522, 1990.

LANNA, D. P. D.; PACKER, I. U. **Eficiência biológica e econômica em bovinos de corte.** 1998. 21 p.

LEME, P. R. **Estimativa da composição química corporal de novilhos Nelore através do espaço de Deutério.** 1993. 78 p. Tese (Doutorado). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista .Júlio de Mesquita Filho., Jaboticabal.

LÔBO, R.B.; REYES, A., FERRAZ, J.B.S. et al. Bivariate animal model analysis of growth weight and scrotal circumference of Nelore cattle in Brazil. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 5., 1994, Guelph. **Proceedings...** Ghelph: WCGALP, 1994. v. 17. p. 199-201.

LÔBO, R N. B.; MADALENA, F. E.; VIEIRA, A. R. Average estimates of genetic parameters for beef and dairy cattle in tropical regions. **Animal Breeding Abstract**, v. 68, n. 6, p. 433-462, 2000.

LUCHIARI FILHO, A. **Pecuária da carne bovina.** São Paulo: o autor, 2000. 134 p.

MAGNABOSCO, C. de U.; REYES, A. de los; Mc MANUS, C. BORGES JUNIOR, M.M. Estudo genético - quantitativo de características de crescimento em bovinos da raça Nelore nos Estados Unidos da América. In: REUNIAO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 35., 1998, Botucatu. **Anais...** Botucatu: SBZ, 1998. /cd-room/.

MARCONDES, C.R., FERRAZ, J.B.S., ELER, J.P., CARDOSO, E.P. Correlações entre pesos, perímetro escrotal, medidas de ultra-som e conformação de corte em tourinhos Nelore. ABCZ, Uberaba, 1998. **Anais...** Uberaba: ABCZ, 1998. p.388-390.

MEYER, K. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. **Genetic Selection and Evolution.**, v.23, p.67-83, 1991.

MEYER, K., CARRICK, M.J., AND DONNELLY, B.J.P. Genetic parameter for growth traits of Australian beef cattle from a multibreed selection experiment. **Journal of Animal Science**, v.71, p. 2614-2622, 1993.

NOGUERA, J. L., VARONA, L., BABOT, D. AND ESTANY, J. Multivariate analysis of litter size for multiple parities with production traits in pigs: I. Bayesian variance component estimation. **Journal of Animal Science**, v.80, p.2540–2547, 2002.

PARNELL, P. Balancing growth, carcass and fertility in your breeding program. In: THE ANNUAL FEEDER STEER SCHOOL, 5., 2000, Armidale. **Proceedings...** Armidale: Australian Angus, 2001. p. 90-96.

PEDROSA, V. B. **Estimação dos parâmetros genéticos do peso adulto em matrizes da raça Nelore.** 2006. 77 p. Dissertação (Mestrado). Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos. USP, Pirassununga.

PEREIRA, E., ELER, J. P., FERRAZ, J. B. S. Análise genética de características reprodutivas na raça Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37 (5), p.703-708, 2002.

POLLAK, E.J. and QUAAS, R. L. Definition of group effects in sire evaluation models. **Journal of Dairy Science**. v.66, n.7, p.1503-1509, 1983.

QUIRINO, C. R., AND BERGMAN, J. A. G. Heritability of scrotal circumference adjusted and unadjusted for body weight in Nellore bulls, using univariate and bivariate animal models. **Theriogenology** v.49, p.1389–1396, 1998.

RAMIREZ-VALVERDE R, HERNANDEZ-ALVAREZ, O.C., NUNEZ-DOMINGUEZ, R., RUIZ-FLORES, A., GARCIA-MUNIZ, J.G. Análisis univariado vs multivariado en la evaluación genética de variables de crecimiento en dos razas bovinas. **Agrociencia**, v.41, p.271-282, 2007.

RIBEIRO, S. ; ELER, J. P. ; BALIEIRO, J. C. C. et al. Influência da interação genótipo x ambiente sobre características pós-desmama em bovinos da raça Nelore. **Veterinária e Zootecnia**, Botucatu - SP v. 14, p. 72-80, 2007a.

RIBEIRO, S.H.A. et al . A genetic-quantitative study of growth traits in Tabapuã cattle. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**., Belo Horizonte, v. 59, n. 2, 2007b.

SANTIAGO, A.A. **O Gado Nelore**. Secretaria da Agricultura, 1972. 554 p.

SANTIAGO, A.A. **O Nelore: origem, formação e evolução do rebanho**. São Paulo: Editora dos Criadores, 1983. p.27-28.

SILVA, J.A. II; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; OLIVEIRA, H.N. Estimacão da herdabilidade da probabilidade de prenhez aos 14 meses usando inferência bayesiana. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA., 2001, Viçosa. **Anais...** Viçosa: SBZ, 2001. p. 4.

SILVA, J.A.II V., FORMIGONI, I.B., ELER, J.P., FERRAZ, J.B.S. Genetic relationship among stayability, scrotal circumference and post-weaning weight in Nelore cattle. **Livestock Science**. v. 99, p. 51 – 59, 2006.

SUGISAWA, L.; MATTOS, W. R. S. ; OLIVEIRA, H. N.; SILVEIRA, A. C. ; ARRIGONI, M. B. ; SOUZA, A. A. Correlações Simples entre as Medidas de Ultra-som e a Composição da Carcaça de Bovinos Jovens. **Revista Brasileira de Zootecia**, Viçosa/MG, v. 35, n. 1, p. 174-181, 2006.

THOMPSON, R., AND K. MEYER. A review of theoretical aspects in the estimation of breeding values for multitrait selection. **Livestock Production Science**, v.15, p.299-313, 1986.

VAN MELIS, M. H. **Utilização do método R na estimacão de parâmetros genéticos em gado de corte**. 2001. 82 f. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2001.

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

VASCONCELOS, J., SANTOS, F., BAGNATO, A., CARVALHEIRA, J. Effects of Clustering Herds with Small-Sized Contemporary Groups in Dairy Cattle Genetic Evaluations. **Journal of Dairy Science** - January 2008 v.91, n.1, p. 377-384, 2008.

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

CAPÍTULO I

Utilização do grupo de manejo a desmama como efeito aleatório para características pós-desmama na estimação de parâmetros genéticos de bovinos da raça Nelore.

1. RESUMO

Dados de 69.525 animais foram utilizados para comparar duas metodologias de análise, uma utilizando o grupo de manejo a desmama incluído como efeito no grupo de contemporâneo (F_GMANDES) e outra considerando o grupo de manejo a desmama (GMANDES) como efeito aleatório não correlacionado no modelo matemático (A_GMANDES) para as características pós-desmama. Foram estimados os componentes de (co)variância para características do período pré-desmama: peso ao nascer (PN) e peso a desmama (PD) e para características pós-desmama: perímetro escrotal (CE), ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) e escores de musculosidade (MUSC) na raça Nelore utilizando-se do modelo animal completo. As herdabilidades para CE, GP e MUSC para o modelo F_GMANDES, foram de 0,46; 0,38 e 0,26; e para a metodologia A_GMANDES de 0,45; 0,31 e 0,25 respectivamente. As correlações genéticas diretas entre todas as características estudadas variaram entre -0,07 e 0,77 para F_GMANDES e entre 0,01 e 0,76 para A_GMANDES. Os resultados do teste da razão de verossimilhança (LRT) obtidos em análise uni-característica comparando os modelos A_GMANDES e F_GMANDES foram significativos para todas as características mensuradas no período pós-desmama, ao nível 1% de probabilidade. Esses resultados indicam que modelo A_GMANDES se ajusta melhor aos dados. Neste modelo há uma redução do número de grupos contemporâneos e aumento do número de observações por grupo para as características pós-desmama analisadas.

Palavras-chave: bovinos de corte, grupo de contemporâneo, herdabilidade e correlação genética.

2. INTRODUÇÃO

Os modelos de avaliação genética incluem os grupos contemporâneos (GC) para remover o efeito de variação, devido às diferentes condições ambientais a que os animais são submetidos em cada fase do seu desenvolvimento.

Nas avaliações genéticas em bovinos de corte são considerados nos modelos matemáticos os grupos de manejo em diferentes fases do desenvolvimento. Devido às políticas de manejo, os criadores, muitas vezes sem justificativas, podem alocar animais de três, ou mais, grupos de manejo a desmama para formar um grupo de manejo pós-desmama, não sendo utilizados, portanto, todos os animais de um único grupo a desmama na formação do grupo de manejo pós-desmama. Esses grupos são, em geral, concatenados entre si e com outros efeitos fixos para a formação dos GCs. O GC de pós-desmama é formado pela concatenação de efeitos fixos da fase de desmama com efeitos fixos da fase pós-desmama. Quando se concatenam os efeitos para formação dos GCs de uma característica pós-desmama ocorre a formação de muitos GCs com poucas observações em cada um deles.

Os grupos contemporâneos são efeitos fixos no modelo e, como tal, necessitam de um número suficiente de observações para a solução do sistema e comparação dos animais entre grupos. Soluções para estes pequenos grupos não são seguros ou representativos, devido à baixa ou ausência de variabilidade. Alguns autores optam pela exclusão destes grupos sem, no entanto, discutirem as conseqüências destas perdas de informação para as avaliações genéticas (Vasconcelos et al., 2008).

O rigor na predição dos valores genéticos é fundamental no processo seletivo (Pollak e Quaas, 1983). O valor genético é função da variância genética aditiva e a acurácia da predição depende da variância do erro de predição, que por sua vez depende, em grande parte, do número de observações com que cada animal contribui para a avaliação e de sua distribuição nos GCs. Desta maneira, eliminar GCs com pequeno número de observações pode proporcionar viés em na predição genética (Henderson 1975). A inclusão do GMANDES como efeito aleatório no modelo e sua exclusão como parte do GC permite uma drástica redução do número de GCs com poucas observações e mesmo que haja uma pequena redução nas estimativas de herdabilidade, os dados serão ajustados para esse efeito e os grupos de contemporâneo pós-desmama serão mais consistentes.

O objetivo do presente estudo foi avaliar a utilização do GMANDES como efeito aleatório para as características pós-desmama na estimação dos parâmetros genéticos em bovinos da raça Nelore.

3. MATERIAL E MÉTODOS

Os dados foram obtidos junto ao Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia (GMAB) da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos (FZEA/USP), em Pirassununga, SP e são provenientes de fazendas pertencentes à Agro-Pecuária CFM Ltda. Os arquivos de análise possuíam registros de animais da raça Nelore nascidos entre 1984 e 2009. A matriz de parentesco considerada foi composta 165.539 registros, sendo 61.249 machos e 104.290 fêmeas.

O banco de dados analisado continha apenas informações de animais pertencentes à GCs com pelo menos cinco observações dentro do grupo, filhos de no mínimo dois touros diferentes. Os GC da fase pós-desmama são comumente formados pela concatenação dos efeitos de: Fazenda de Desmama, Safra, Sexo, Lote de Desmama, Fazenda de Pós-Desmama e Lote de Pós-Desmama.

Neste trabalho, para as análises multicaracterística, além do GC tradicionalmente utilizado, utilizou-se um modelo alternativo em que o GC para as características da fase pós-desmama foi formado por: Fazenda de Desmama, Safra, Sexo, Fazenda de Pós-Desmama e Lote de Pós-Desmama, ou seja, o lote de desmama não foi incluído no GC. Neste caso, o lote de desmama foi considerado no modelo como um efeito aleatório não correlacionado. Com isto houve menor ocorrência de GC com pequeno número de observações. Os dados foram ajustados para os efeitos de lote de desmama, da mesma forma que o são, por exemplo, para ambiente permanente da vaca.

Na fase pré-desmama em que foram analisados registros de PN e PD, não havia necessidade da inclusão do GMANDES como efeito aleatório, pois, em geral, os GCs continham número suficiente de observações. Na fase pós-desmama em que foram analisadas as informações de CE, GP e MUSC foram considerados os dois modelos: com GMANDES incluído no grupo de contemporâneo (F_GMANDES) e com GMANDES como efeito aleatório no modelo e não fazendo parte do GC (A_GMANDES).

Na tabela 1 é apresentada a distribuição dos animais pelos GC's das características em estudo, para os modelos F_GMANDES e A_GMANDES e na tabela 2 são apresentadas as estatísticas descritivas.

Tabela 1 – Número de animais (N), número de grupos de contemporâneo (N_GC), mínimo (MIN_AN) e máximo (MAX_AN) de animais por grupo de contemporâneo, das características em estudo para os modelos utilizando o grupo de manejo a desmama incluído como efeito fixo (F_GMANDES) e como efeito aleatório (A_GMANDES).

Modelos	Características	N	N_GC	MIN_AN	MAX_AN
	PN	66113	1497	10	714
	PD	68553	1731	10	279
	CE	29794	2926	10	279
F_GMANDES	GP	58337	2726	10	275
	MUSC	58232	2714	10	275
	CE	29810	939	10	1024
A_GMANDES	GP	58660	978	10	726
	MUSC	58272	976	10	726

Tabela 2 – Estatísticas descritivas das características em estudo.

Características	Média	C.V.	D.P.	Mín	Max
PN	31,43	12	3,62	13,00	58,00
PD	190,09	14	27,04	61,00	317,00
CE	27,23	13	3,42	11,00	40,00
GP	114,45	27	31,39	0,50	294,54
MUSC	3,68	25	0,91	1,00	6,00

Nos modelos para análises das características pré-desmama, PN e PD, foram incluídos como efeitos fixos (covariáveis) a idade do animal na data da medição, a data Juliana de nascimento, representando a época de nascimento, a idade da mãe ao parto, além do efeito de

GC. E como efeitos aleatórios os efeitos genéticos, direto e materno, além do efeito de ambiente permanente da vaca.

Para as análises das características pós-desmama o modelo considerado para CE, GP e MUSC incluiu nos modelos os efeitos fixos (covariáveis) de idade do animal na data da medição, a data Juliana de nascimento, representando a época de nascimento, a idade da mãe ao parto, além do efeito de GC. E, como efeitos aleatórios, os efeitos genéticos diretos e os efeitos maternos, exceto para MUSC por não ter apresentado efeito significativo para estas características em análises prévias.

Em notação matricial os modelos a serem utilizados podem ser descritos como:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{g} + \mathbf{M}\mathbf{m} + \mathbf{W}\mathbf{w} + \mathbf{P}\mathbf{p} + \mathbf{e}$$

Em que,

\mathbf{y} é um vetor $N \times 1$ dos registros de produção, $\boldsymbol{\beta}$ denota o vetor de efeitos fixos, \mathbf{X} é uma matriz de incidência que associa $\boldsymbol{\beta}$ com \mathbf{y} ; \mathbf{g} é o vetor de efeitos genéticos diretos, \mathbf{Z} é uma matriz de incidência que associa \mathbf{g} com \mathbf{y} ; \mathbf{m} é o vetor de efeitos genéticos maternos, \mathbf{M} é uma matriz de incidência que associa \mathbf{m} com \mathbf{y} ; \mathbf{w} é o vetor de grupos de manejo à desmama (ou lote de desmama), \mathbf{W} é uma matriz de incidência que associa \mathbf{w} com \mathbf{y} ; \mathbf{p} é o vetor de efeitos permanentes da vaca (influência do fenótipo da vaca na sua progênie) mais os efeitos genéticos não aditivos, \mathbf{P} uma matriz de incidência que associa \mathbf{p} com \mathbf{y} ; e \mathbf{e} é o vetor de efeitos residuais inerentes a cada observação e que não é explicado pelos outros componentes do modelo.

Para as análises de parâmetros genéticos, utilizou-se a metodologia de modelos mistos, usando o modelo animal (Henderson, 1975), considerando todas as características simultaneamente. Para esta análise utilizou-se o software VCE 6.0 (Groeneveld et al., 2008). Para testar a significância da inclusão do GMANDES como efeito aleatório no modelo foram realizadas análises unicaracterísticas sob modelo animal por meio do programa MTDFREML (Boldman et al., 1995) e calculado o teste da razão de verossimilhança (LRT) de acordo com o recomendado por Rao (1973).

Para os machos foi verificada a proporção de animais coincidentes entre os modelos A_GMANDES e F_GMANDES, ao serem selecionados 20% dos machos de maior DEP, baseando-se na metodologia aplicada por Mourão (2005). Para a estimação dos valores genéticos para o cálculo das DEPs utilizou-se o “software” PEST2 (Groeneveld, 2009).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas de componentes de (co)variância são mostradas na Tabela 2.

Tabela 3 - Estimativas de componentes de variância para as características estudadas, de acordo com o modelo de análise.

Modelo	Parâmetros	PN	PD	CE	GP	MUSC
F_GMANDES	σ^2_g	3,30	88,87	2,99	123,71	0,14
	σ^2_m	0,66	63,56	0,64	43,42	-
	σ^2_{pe}	0,35	12,45	-	-	-
	σ^2_e	5,96	200,87	3,46	252,55	0,40
	$\sigma^2_{gmandes}$	-	-	-	-	-
A_GMANDES	σ^2_g	3,30	88,22	3,03	127,18	0,14
	σ^2_m	0,67	64,39	0,64	43,90	-
	σ^2_{pe}	0,35	12,16	-	-	-
	σ^2_e	5,96	201,35	3,44	253,57	0,40
	$\sigma^2_{gmandes}$	-	-	0,30	68,33	0,02

σ^2_g = variância dos efeitos genéticos aditivos diretos; σ^2_m = variância dos efeitos genéticos aditivos maternos; σ^2_{pe} = variância dos efeitos de ambiente permanente da vaca; σ^2_e = variância dos efeitos residuais e $\sigma^2_{gmandes}$ = variância dos efeitos de grupo de manejo a desmama

Observou-se que a inclusão do GMANDES como efeito aleatório exerceu pouca influência nos resultados de (co)variância das características em estudo. Isso indica que as herdabilidades, bem como as correlações para ambos os modelos analisados foram similares e a utilização do modelo A_GMANDES não interfere negativamente na estimação dos parâmetros genéticos.

Os parâmetros genéticos são apresentados na Tabela 3, respectivamente para o modelo com e sem GMANDES como efeito aleatório. Para PN, os valores obtidos para os

coeficientes de herdabilidade para efeitos aditivos diretos foram de 0,32 e 0,31, para os modelos F_GMANDES e A_GMANDES, respectivamente. As herdabilidades estimadas para o peso ao nascimento condizem com os valores relatados por Eler et al. (2000), Albuquerque & Meyer (2001) e Dias et al. (2005), as quais variaram de 0,25 a 0,37. Os valores obtidos para os diferentes modelos estudados foram semelhantes, demonstrando que a presença do GMANDES nas análises multicaracterística não influenciou a característica em questão. Os coeficientes de herdabilidade para PD apresentaram o mesmo valor (0,22) para ambos os modelos estudados, sendo próximo aos valores apresentados em trabalhos com a raça Nelore (Horimoto et al., 2007; Boligon et al., 2008 e 2010), que variaram de 0,28 a 0,33. Assim como para PN, a inclusão ou não do GMANDES como efeito aleatório nas análises multicaracterísticas, não interferiu os resultados dos coeficientes de herdabilidade do peso a desmama.

Para CE as estimativas de herdabilidade considerando F_GMANDES e A_GMANDES foram respectivamente, 0,46 e 0,45, similares aos valores encontrados na literatura. Em populações *Bos taurus*, Bourdon e Brinks (1986) apresentaram valores de herdabilidade para circunferência scrotal em animais Hereford de 0,46, e Martínez-Velázquez et al. (2003) reportaram valores médios de 0,41 para 9 raças puras e 3 populações compostas. Além disso, Smith et al. (1989) obteve estimativa média de 0,40 para várias raças, e, na raça Nelore, Silva et al. (2006) estimou valores de 0,46 e Van Melis et al. (2010) encontrou herdabilidade de 0,42 para a característica mencionada. Para GP, as estimativas de herdabilidade foram de 0,38 e 0,31, respectivamente para F_GMANDES e A_GMANDES, estando dentro da amplitude apresentada por Eriksson et al. (2002) (0,22 a 0,40) em bovinos de corte europeus e por Van Melis et al. (2003 e 2010) que obteve valores de 0,27 e 0,25, respectivamente, em animais da raça Nelore. As estimações das herdabilidades de MUSC para F_GMANDES e A_GMANDES foram de 0,26 e 0,25, respectivamente, sendo semelhantes aos valores reportados por Van Melis et al. (2003) que apresentou herdabilidade de 0,22, utilizando o método R, Cardoso et al. (2004) que encontraram estimativa de herdabilidade de 0,26, utilizando o método REML e novamente por Van Melis et al. (2010), que apresentou herdabilidade no valor de 0,23 para musculosidade.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade aditiva materna para PN (0,06) e PD (0,16) foram similares aos valores descritos na literatura. Eler et al. (2000) e Ribeiro et al. (2009) apresentaram valores entre 0,07 a 0,10 para PN e Mercadante et al., (2000); Boligon et al.,(2008); Van Melis et al.,(2010) obtiveram estimativas entre 0,10 a 0,17 de herdabilidade materna para PD. A não-inclusão dos efeitos maternos nos modelos de análise para peso ao

nascimento e a desmama pode resultar na superestimação da variância do efeito genético direto.

As correlações genéticas estimadas, para ambos os modelos estudados, entre PN e as demais características em estudo foram positivas, e de magnitudes moderadas a altas, com exceção da correlação com CE, que se apresentou nula. Portanto, a seleção baseada em características de produção pode levar ao aumento do PN e se não controlado pode provocar aumento da ocorrência de partos distócicos. Estes resultados estão de acordo com Pereira et al., (2006) e Boligon et al., (2009), em estudos correlacionando o PN com outras características produtivas.

As correlações genéticas estimadas entre PD e as características medidas no período pós-desmama, para ambos os modelos, foram altas e positivas e indicam que os genes responsáveis por pesos a desmama mais elevados, na maior parte, são os mesmos que influenciam o aumento das demais características pós-desmama. Esses resultados estão de acordo com os descritos Eler et al., (1996); Pereira et al., (2001) e Barichello et al., (2010).

Da mesma forma, as estimativas de correlações entre as características pós-desmama avaliadas para ambos os modelos estudados, foram altas e positivas, estando de acordo com os achados por Pereira et al., (2001) e Pedrosa et al., (2010). Maiores valores dos coeficientes de correlação puderam ser observados para GP com MUSC, ficando em 0,77, demonstrando grande associação genética entre estas características. Os resultados de correlação demonstraram que a inclusão do GMANDES como efeito aleatório não interferiu negativamente nas estimativas entre os efeitos diretos, o que reforça ainda mais a importância da utilização deste efeito como aleatório não correlacionado, já que favorece a inclusão de um maior número de animais nas avaliações.

Tabela 4 - Coeficientes de herdabilidade dos efeitos genéticos, direto e materno (diagonal) e correlação genética entre as peso ao nascimento (PN), peso a desmama (PD), circunferência escrotal (CE), ganho de peso pós-desmama (GP) e musculosidade (MUSC) (acima da diagonal).

	PN	PD	CE	GP	MUSC	PN_M	PD_M	CE_M	GP_M
F_GMANDES									
PN	0,32	0,64	-0,07	0,21	0,19	0,05	0,06	0,01	-0,20
PD	-	0,22	0,26	0,48	0,57	0,29	0,23	-0,07	-0,32
CE	-	-	0,46	0,35	0,35	0,08	0,17	-0,24	-0,23
GP	-	-	-	0,38	0,77	0,33	0,56	0,15	-0,61
MUSC	-	-	-	-	0,26	0,29	0,50	0,05	-0,51
PN_M	-	-	-	-	-	0,06	0,23	0,05	-0,10
PD_M	-	-	-	-	-	-	0,16	0,31	-0,96
CE_M	-	-	-	-	-	-	-	0,10	-0,29
GP_M	-	-	-	-	-	-	-	-	0,13
A_GMANDES									
PN	0,31	0,64	0,01	0,20	0,18	0,04	0,05	0,01	-0,19
PD	-	0,22	0,25	0,46	0,56	0,28	0,22	-0,08	-0,32
CE	-	-	0,45	0,35	0,34	0,08	0,16	-0,25	-0,23
GP	-	-	-	0,31	0,76	0,33	0,55	0,14	-0,62
MUSC	-	-	-	-	0,25	0,29	0,50	0,05	-0,51
PN_M	-	-	-	-	-	0,06	0,24	0,04	-0,13
PD_M	-	-	-	-	-	-	0,16	0,31	-0,96
CE_M	-	-	-	-	-	-	-	0,09	-0,28
GP_M	-	-	-	-	-	-	-	-	0,11

Os valores obtidos para o LRT foram de 570,94; 1115,71; 555,46 e para CE, GP, MUSC, respectivamente como apresentado na Tabela 5. Estes valores, que comparados ao valor de qui-quadrado tabelado com um grau de liberdade, foram significativos para todas as características mensuradas no período pós-desmama, ao nível 1% de probabilidade. Desta maneira a adoção do A_GMANDES como modelo de análise, mostrou-se importante por apresentar o melhor ajuste aos dados analisados, se comparado ao modelo F_GMANDES. Eler et al. (2000) em estudo que verificou a importância da inclusão do efeito de touro-rebanho no modelo matemático, também concluíram que considerar este efeito deveria ser o procedimento mais adequado para melhorar a ordenação dos reprodutores a serem selecionados.

Tabela 5 – Valores do log da verossimilhança para cada característica avaliada no período pós-desmama e resultado do teste da razão de verossimilhança (LRT) obtido em análise uni-característica.

Característica	A_GMANDES	F_GMANDES	LRT ¹
CE	- 92373,11	- 92944,05	570,94 *
GP	- 79981,28	- 81096,99	1115,71 *
MUSC	- 61826,63	- 62382,09	555,46 *

LRT¹ = (A_GMANDES – F_GMANDES); * = (P<0,01).

Tendo em vista que o modelo A_GMANDES apresentou melhor ajustamento aos dados, foi realizada a classificação dos 20% melhores machos para as DEPs de cada característica em estudo, a fim de identificar os erros de seleção entre os diferentes modelos. A proporção dos animais coincidentes entre os modelos A_GMANDES e F_GMANDES foi de 98%, 95,5%, 90,5%, 91,5% e 89,5%, para PN, PD, CE, GP e MUSC, respectivamente, sendo estas indicadoras de classificações genéticas dessemelhantes realizadas pelos modelos distintos. Em termos aplicados, o erro de seleção, em que parte dos melhores animais deixou de ser selecionada quando avaliado por F_GMANDES, variou de 2% a 10,5%. O impacto desta mudança pode ser observado graficamente nas Figuras 1, 2, 3, 4 e 5.

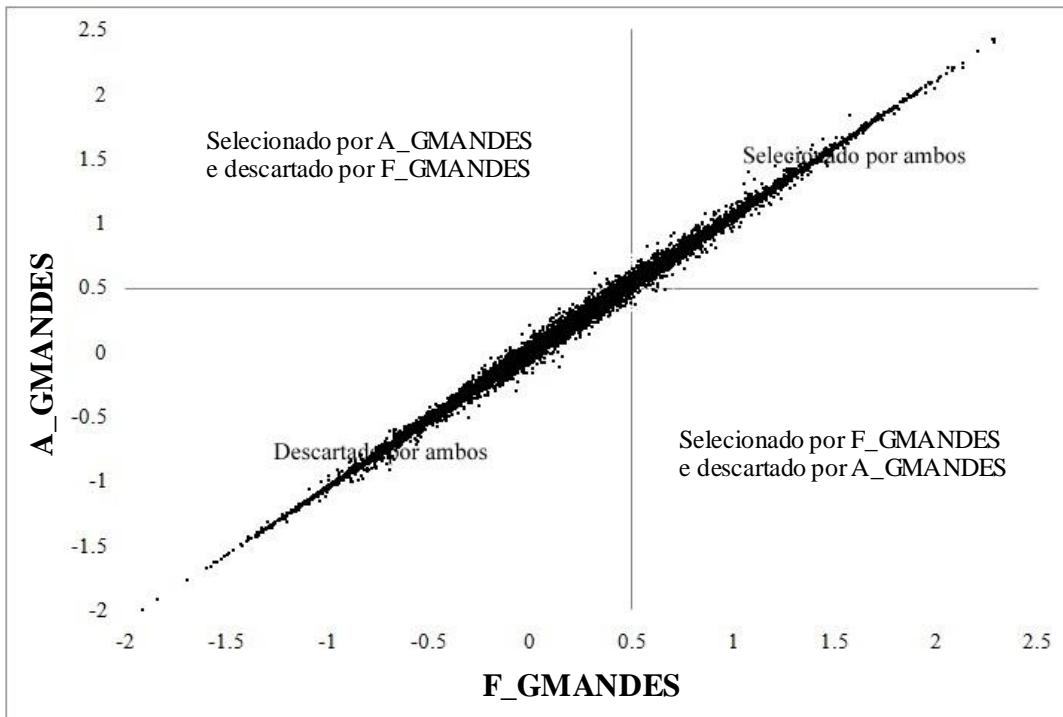


Figura 1. Dispersões das DEPs para PN nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 20% melhores machos para os modelos A_GMANDES ($DEP \geq 0,5$) e F_GMANDES ($DEP \geq 0,5$).

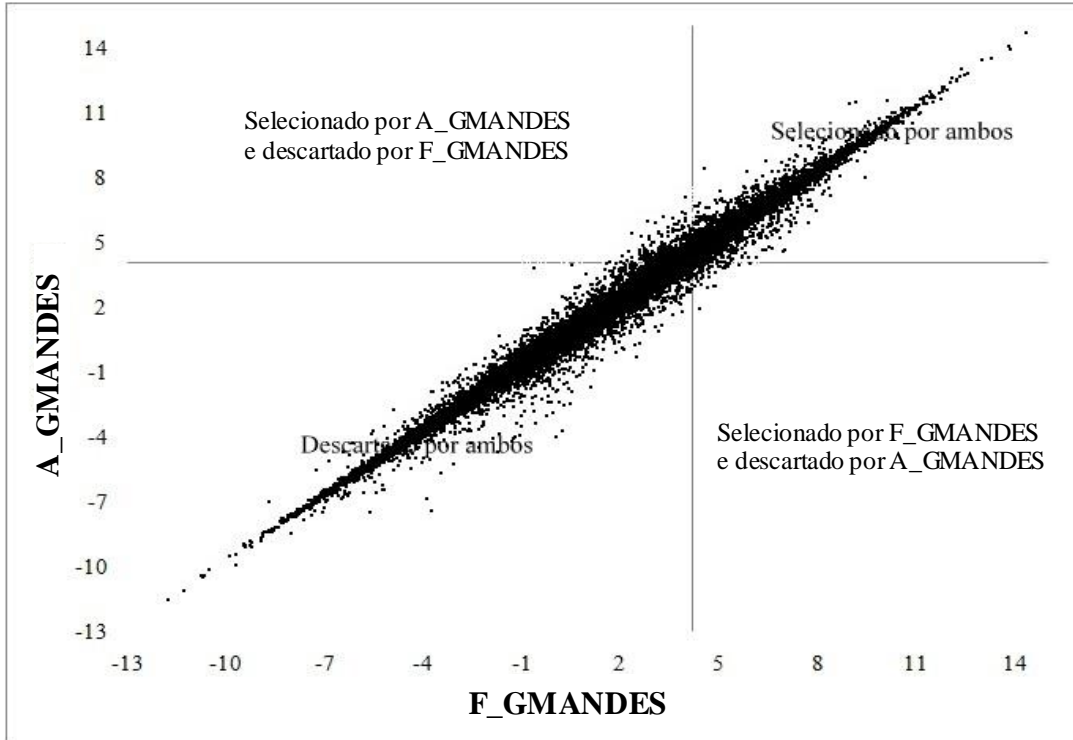


Figura 2. Dispersões das DEPs para PD nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 20% melhores machos para os modelos A_GMANDES ($DEP \geq 4,5$) e F_GMANDES ($DEP \geq 4,5$).

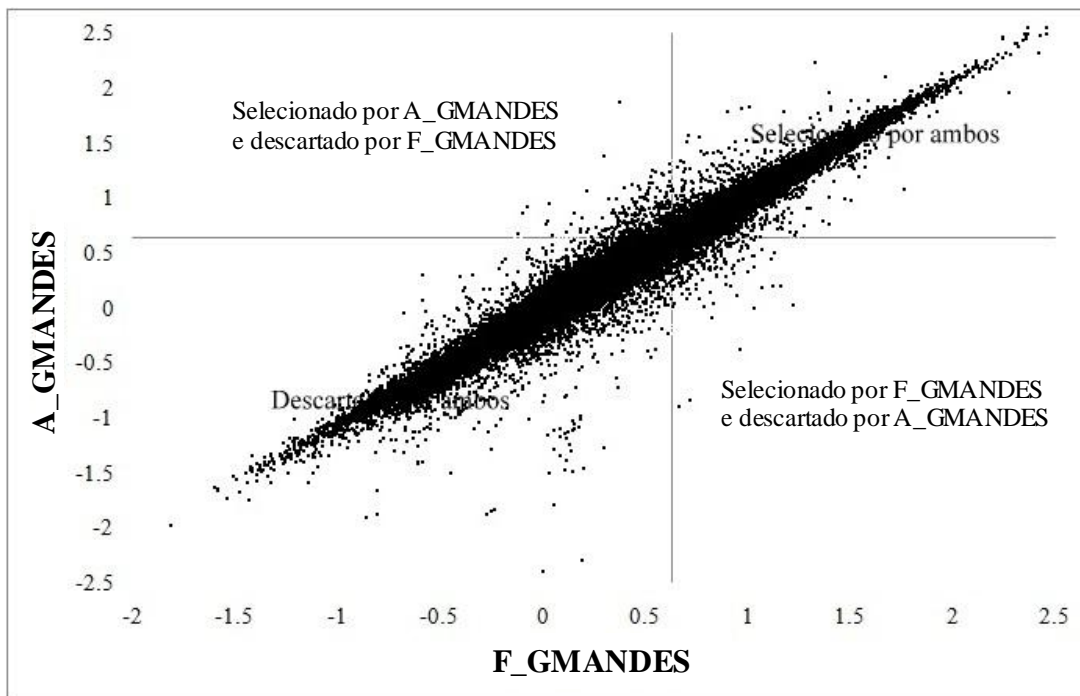


Figura 3. Dispersões das DEPs para CE nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 20% melhores machos para os modelos A_GMANDES ($DEP \geq 0,6$) e F_GMANDES ($DEP \geq 0,7$).

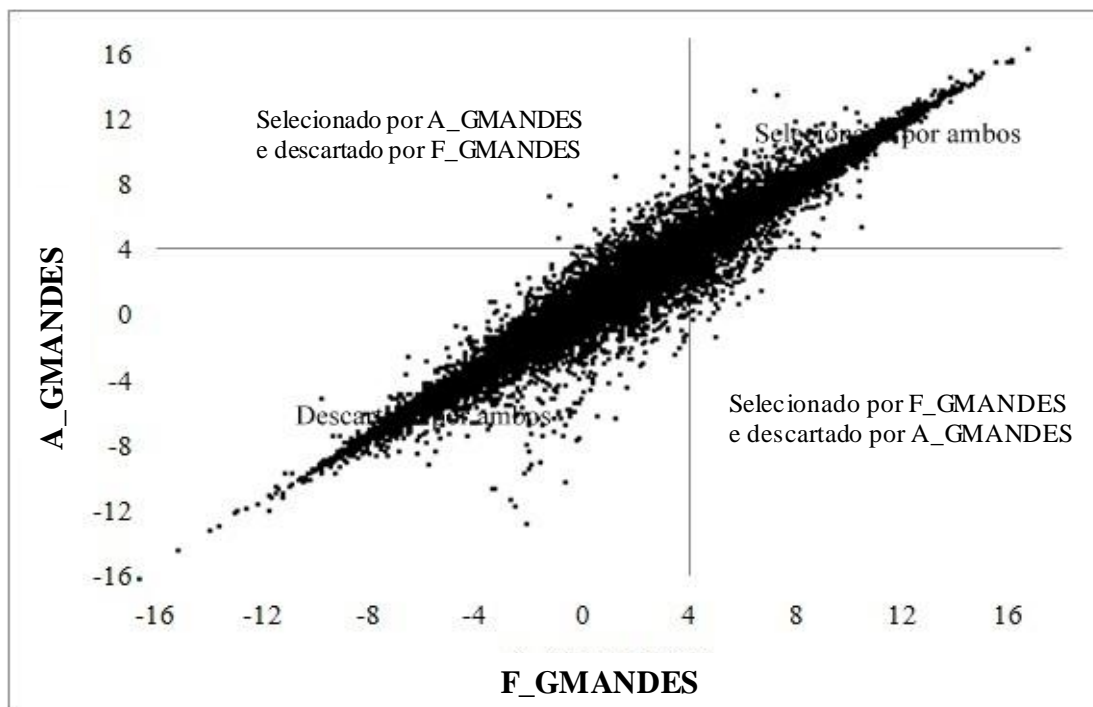


Figura 4. Dispersões das DEPs para GP nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 20% melhores machos para os modelos A_GMANDES ($DEP \geq 4,0$) e F_GMANDES ($DEP \geq 4,0$).

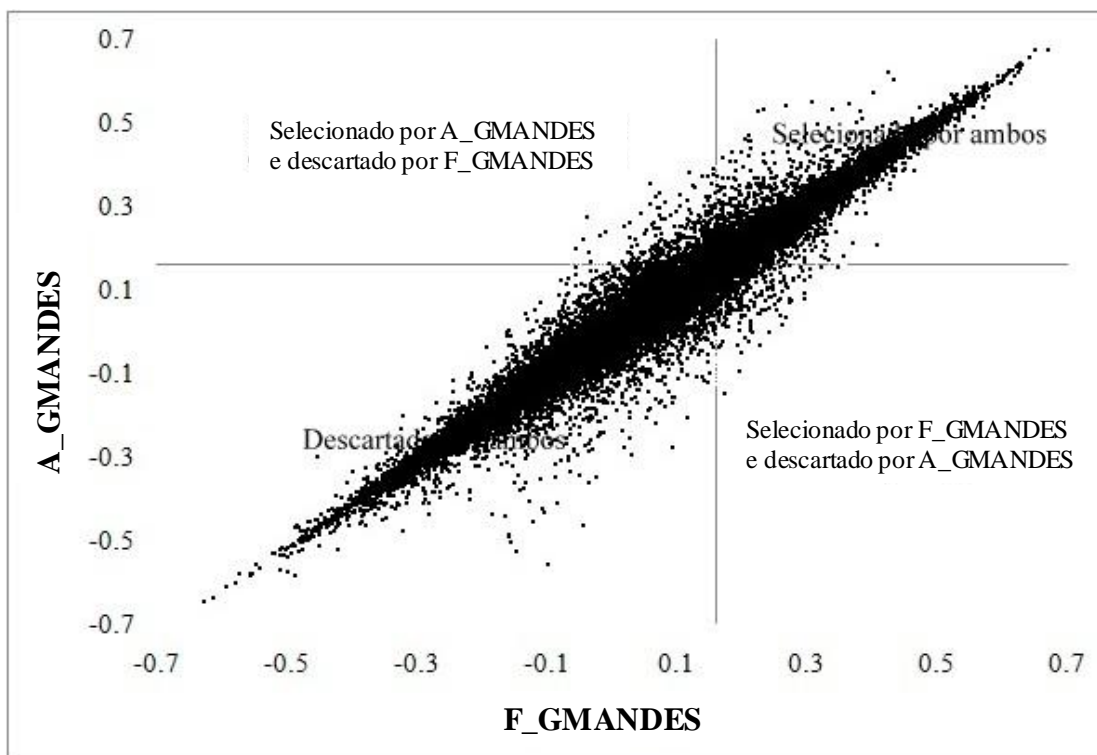


Figura 5. Dispersões das DEPs para MUSC nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 20% melhores machos para os modelos A_GMANDES (DEP \geq 0,15) e F_GMANDES (DEP \geq 0,16).

5. CONCLUSÕES

Observou-se que a utilização do modelo A_GMANDES não alterou os resultados dos coeficientes de herdabilidade, mostrando que a inclusão do GMANDES como efeito aleatório é vantajosa, já que proporciona o aumento da quantidade de animais por GC, evitando a formação de GC's com pouca variabilidade e, conseqüentemente, possíveis eliminações de animais importantes nas avaliações genéticas.

Os valores obtidos para a estatística do teste da razão de verossimilhança comparando os modelos estudados foram significativos para todas as características mensuradas no período pós-desmama, demonstrando que a inclusão do GMANDES como efeito aleatório no modelo matemático, mostrou-se importante por apresentar o melhor ajuste aos dados analisados.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of direct and maternal genetic effects for weights from birth to 600 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.118, p.83-92, 2001.
- BARICHELLO, F.; ALENCAR, M. M.; TORRES JUNIOR, R. A. A. e SILVA, L. O. C. Heritability and correlations for weight, scrotal circumference and visual scores at weaning, in Canchim beef cattle. **Pesquisa agropecuária brasileira**. v.45, n.6, p. 563-570, 2010.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. et al. **A manual for use of MTDFREML: a set of program to obtain estimates of variances and covariances (DRAFT)**. Lincoln: Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995.
- 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**, v.37, n.4, p.596-601, 2008.
- BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; MERCADANTE, M.E.Z. et al. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.12, p.2320-2326, 2009.
- BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G. MERCADANTE, M E. Z. Estudo das relações entre a idade ao primeiro parto, ganhos em peso e pesos da desmama à maturidade em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, n.4, p.746-751, 2010.
- BOURDON, R.M. AND BRINKS, J.S. Scrotal circumference in yearling Hereford bulls: adjustment factors, heritabilities and genetic, environmental and phenotypic relationships with growth traits. **Journal of Animal Science**, 62: 958-967, 1986.
- CARDOSO, F.F., CARDELLINO, R.A. AND CAMPOS, L.T. (Co) variance components and genetic parameters of post-weaning traits in Angus cattle. *Revista Brasileira de Zootecia*. v.33, p.313-319, 2004.
- CYRILLO, J.N.S.G.; RAZOOK, A.G.; FIGUEIREDO, L.A. et al. Estimativas de tendências e parâmetros genéticos do peso padronizado aos 378 dias de idade, medidas corporais e perímetro escrotal de machos nelore de Sertãozinho, SP. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n. 1, p.56-65, 2001.
- DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G.; TONHATI, H. et al. Estimação de parâmetros genéticos para peso em diferentes idades para animais da raça Tabapuã. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.6, p.1914-1919, 2005.

ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; SILVA, P.R. Parâmetros genéticos para peso, avaliação visual e perímetro escrotal na raça Nelore, estimados por modelo animal. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.48, n.2, p.203-213, 1996.

ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; GOLDEN, B.L. et al. Influência da interação touro x rebanho na estimação da correlação entre efeitos genéticos direto e materno em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.1642-1648, 2000.

ERIKSSON, S., NÄSHOLM, A., JOHANSSON, K. AND PHILIPSSON, J. Genetic analysis of post-weaning gain of Swedish beef cattle recorded under field conditions and at station performance testing. **Livestock Production Science**. v.76, p. 91-101, 2002.

GROENEVELD, E., KOVAC, M. AND MIELENZ, N. **VCE User's guide and reference manual**. Version 6.0. Department of Animal Science, University of Illinois, Urbana, IL, 2008.

GROENEVELD, E., M. KOVAC, AND N. MIELENZ. **PEST2 User's guide and reference manual**. Version 2.0. Department of Animal Science, University of Illinois, Urbana, IL, 2009.

HENDERSON, C.R. Comparison of alternative sire evaluation methods. **Journal of Dairy Science**, v.41, p.760-770, 1975.

HORIMOTO, A.R.V.R., FERRAZ, J.B.S., BALIEIRO, J.C.C., ELER, J.P. Phenotypic and genetic correlations for body structure scores (frame) with productive traits and index for CEIP classification in Nelore beef cattle. **Genetics and Molecular Research**, v.6, p.188–196, 2007.

MARTÍNEZ-VELÁZQUEZ G., GREGORY, K.E., BENNETT, G.L. AND VAN VLECK L.D. Genetic relationships between scrotal circumference and female reproductive traits. **Journal of Animal Science**. v.81, p.395-401, 2003.

MERCADANTE, M.E.Z.; LÔBO, R.B.; OLIVEIRA, H.N. Estimativas de (co)variância entre características de reprodução e de crescimento em fêmeas de um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.4, p.997-1004, 2000.

MOURÃO, G.B. **Estimação de efeitos genéticos aditivos diretos e maternos e não aditivos e, predição do desempenho de pesos, perímetro escrotal e musculosidade em uma população de bovinos de corte compostos (Bos taurus x Bos indicus)**. 2005. 110 f. Tese (Doutorado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2005.

PEDROSA, V.B.; ELER, J.P.; SILVA, J. A. II de V.; RIBEIRO, S.; SILVA, M. R.; FERRAZ, J.B.S. Estimação dos parâmetros genéticos do peso adulto na raça Nelore. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.11, n.1, p 104-113, 2010.

PEREIRA E.; ELER, J.P; FERRAZ, J.B.S. Genetic analysis of some reproductive traits and their relationship with weight traits in Nelore cattle. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinaria e Zootecnia**, v.53, p.720–727, 2001.

PEREIRA, M.C.; MERCADANTE, M.E.Z.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. Estimativas de parâmetros genéticos de características de crescimento em um rebanho Caracu selecionado para peso ao sobreano. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.4, p.1669-1676, 2006.

PEREIRA, M.C.; YOKOO, M.J.; BIGNARDI, A.B.; SEZANA, J.C.; ALBUQUERQUE, L.G. Hip height and its relationships with reproductive and growth traits in Nelore cattle. **Pesquisa agropecuaria brasileira**, v.45, n.6, p.613-620, 2010.

POLLAK, E.J. and QUAAS, R. L. Definition of group effects in sire evaluation models. **Journal of Dairy Science**. v.66, n.7, p.1503-1509, 1983.

RAO, C.R. **Linear statistical inference and its applications**. 2.ed. New York: John Willy & Sons, 1973. 552p.

RIBEIRO, S., ELER, J.P., FORMIGONI, I.B., PEDROSA, V.B., BALIEIRO, J.C.C., MATTOS, E.C.M., FERRAZ, J.B.S. Influência da interação genótipo x ambiente sobre o peso à desmama em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 61, n. 3, June 2009.

SILVA, J.A. II V., FORMIGONI, I.B., ELER, J.P. AND FERRAZ, J.B.S. Genetic relationship among stayability, scrotal circumference and post-weaning weight in Nelore cattle. **Livestock Science**. 99: 51-59, 2006.

SMITH, B.A., BRINKS, J.S. AND RICHARDSON, G.V. Estimation of genetic parameters among reproductive and growth traits in yearling heifers. **Journal of Animal Science**. v.67, p.2886-2891, 1989.

VAN MELIS, M.H., ELER, J.P., SILVA, J.A. II V. AND FERRAZ, J.B.S. Estimate of genetic parameters in beef cattle using restricted maximum likelihood and method R. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.32, p.1624-1632, 2003.

VAN MELIS, M.H., OLIVEIRA, H.N., ELER, J.P., FERRAZ, J.B.S., CASELLAS, J. AND VARONA, L. Additive genetic relationship of longevity with fertility and production traits in Nelore cattle based on bivariate models. **Genetics and Molecular Research**, v.9, n.1, p.176-187, 2010.

VASCONCELOS, J., SANTOS, F., BAGNATO, A., CARVALHEIRA, J. Effects of Clustering Herds with Small-Sized Contemporary Groups in Dairy Cattle Genetic Evaluations. **Journal of Dairy Science** - January 2008 v.91, n.1, p. 377-384, 2008.

CAPÍTULO II

Comparação de modelos uni, bi e multicaracterística na estimação de parâmetros genéticos em animais da raça Nelore

1. RESUMO

Estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para as características peso ao nascimento (PN), peso a desmama (PD), circunferência escrotal (CE), ganho de peso pós-desmama (GP) e musculosidade (MUSC) foram obtidas utilizando-se modelos uni (UNI), bi (BI) e multicaracterística (MULTI). Dados de 69.525 animais da raça Nelore foram analisados pelo método da máxima verossimilhança restrita, com modelos que incluíram o efeito genético aditivo direto e materno, além do grupo de manejo a desmama e de ambiente permanente da vaca, como aleatórios e dos efeitos fixos de grupo de contemporâneo. As herdabilidades estimadas pelo modelo MULTI para as características pós-desmama foram maiores em comparação com UNI e BI, o que sugere que a redução do viés, existente nas análises destes últimos dois modelos, melhora os resultados das estimativas dos efeitos genéticos aditivos. Da mesma forma, as correlações genéticas estimadas foram, em grande parte, maiores para o modelo MULTI em relação ao BI, demonstrando que os resultados das análises do modelo BI são subestimados, quando todas as características não são avaliadas conjuntamente. Os resultados da resposta à seleção demonstraram que MUSC apresentou grande potencial seletivo e o cálculo das respostas correlacionadas de MUSC, sob as demais características estudadas, demonstraram que sua utilização em programas de seleção pode ser vantajosa.

Palavras-chave: Bovinos de corte, herdabilidade, correlação genética e resposta correlacionada.

2. INTRODUÇÃO

Em bovinos de corte, as características associadas ao crescimento e produção de carne como peso ao nascer (PN), peso a desmama (PD), ganho de peso pós-desmama (GP), musculosidade (MUSC) e ainda, relacionadas com a reprodução, como circunferência escrotal (CE) são importantes para a eficiência dos sistemas de produção e são constantemente considerados como critério de seleção em programas de melhoramento genético. No entanto, devido à grande demanda computacional ocasionada pela necessidade de resolução de complexos modelos matemáticos, análises univariadas e bivariadas são constantemente realizadas pelos geneticistas para estimar os componentes de (co)variância, herdabilidades e correlações genéticas (Henderson, 1984; Meyer et al., 1993; Villanueva et al., 1993; Ramírez-Valverde et al., 2007).

Estimativas cada vez mais acuradas dos componentes de (co)variância tem sido exigidas pelos criadores, tendo em vista que as variâncias genéticas e residuais são utilizadas para estimar as herdabilidades, que por sua vez podem fornecer informações sobre a eficácia da seleção genética na alteração das características de um rebanho. Conhecer as covariâncias precisas entre as características permite aos criadores selecionar mais eficientemente para o aumento ou ganho no sentido desejado da seleção (Walter e Mao, 1985). Além do mais, métodos de estimação de componentes de covariância requerem que todas as informações disponíveis sejam consideradas conjuntamente para evitar o viés nos resultados, já que fisiologicamente muitas características atuam em conjunto e são dependentes entre si, não podendo, portanto, serem corretamente consideradas individualmente.

Algumas pesquisas têm demonstrado as vantagens da utilização de métodos multivariados de análise em comparação aos métodos univariados e bivariados, por melhor representarem os resultados de seleção em rebanhos comerciais de gado de corte, já que estes consideram diversas características conjuntamente para a formação dos índices de seleção e fatores de descarte (Eler et al., 1995; Bennett e Gregory, 1996; Ramírez-Valverde et al., 2007; Boligon et al., 2009). Por esta razão, o objetivo deste estudo foi comparar a análise multicaracterística com as análises bivariada e univariada para as características de desenvolvimento ponderal e de reprodução (PN, PD, GP, MUSC e CE), na estimação dos

componentes de (co)variância, herdabilidades e correlações genéticas em animais da raça Nelore criados no Brasil.

3. MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados na presente pesquisa são provenientes dos arquivos da Agro-Pecuária CFM Ltda., localizadas no Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. Os animais foram mantidos em pastagens de alta qualidade (40% *Brachiaria brizantha*, 50% *Panicum maximum* e 10% outros) e receberam suplementação mineral constantemente através dos anos.

Registros de 69.525 animais nascidos desde 1984 até 2009 foram analisados para a estimativa dos valores genéticos. As informações de pedigree foram compostas por 165.539 registros, sendo 61.249 machos e 104.290 fêmeas. A descrição do arquivo de dados utilizado está apresentada na Tabela 1.

Tabela 1 – Estatística descritiva das características, peso ao nascimento (PN), peso a desmama (PD), circunferência escrotal (CE), ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) e musculabilidade (MUSC).

Características	N	Média	C.V.	D.P.	Mín	Max
PN	66113	31,43	12	3,62	13,00	58,00
PD	68553	190,09	14	27,04	61,00	317,00
CE	29810	27,23	13	3,42	11,00	40,00
GP	58660	114,45	27	31,39	0,50	294,54
MUSC	58272	3,68	25	0,91	1,00	6,00

As análises foram realizadas no laboratório do Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Brasil (GMAB - FZEA / USP). Para as análises de parâmetros genéticos, utilizou-se a metodologia de modelos mistos, utilizando o modelo animal (Henderson, 1975), utilizando-se o

software VCE 6.0 (Groeneveld et al., 2008). A análise completa do pedigree foi realizada pelo software PopReport (Groeneveld et al., 2009).

Nos modelos para análises das características pré-desmama, PN e PD, foram incluídos como efeitos fixos (covariáveis) a idade do animal na data da medição, a data Juliana de nascimento, representando a época de nascimento, a idade da mãe ao parto, além do efeito de GC. E como efeitos aleatórios os efeitos genéticos, direto e materno, além do efeito de ambiente permanente da vaca.

Para as análises das características pós-desmama o modelo considerado para CE, GP e MUSC incluiu nos modelos os efeitos fixos (covariáveis) de idade do animal na data da medição, a data Juliana de nascimento, representando a época de nascimento, a idade da mãe ao parto, além do efeito de GC. E, como efeitos aleatórios, os efeitos genéticos diretos e os efeitos maternos, exceto para MUSC por não ter apresentado efeito significativo para estas características em análises prévias.

Em notação matricial, todos os modelos utilizados neste estudo podem ser apresentados em conjunto, como segue:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{g} + \mathbf{M}\mathbf{m} + \mathbf{W}\mathbf{w} + \mathbf{P}\mathbf{p} + \mathbf{e}$$

Onde, \mathbf{y} é um vetor $N \times 1$ de registros, $\boldsymbol{\beta}$ denota o vetor de efeitos fixos, \mathbf{X} é a matriz que associa $\boldsymbol{\beta}$ com \mathbf{y} , \mathbf{g} é o vetor de efeitos genéticos direto, \mathbf{Z} é a matriz que associa \mathbf{g} com \mathbf{Y} ; \mathbf{m} é o vetor de efeito genético materno, \mathbf{M} é a matriz que associa \mathbf{m} com \mathbf{y} ; \mathbf{w} é o vetor dos efeitos de grupo de manejo a desmama, \mathbf{W} é a matriz que associa \mathbf{w} com \mathbf{y} , \mathbf{p} é o vetor do efeito de ambiente permanente mais os efeitos genéticos não aditivos atribuídos pelas mães a sua progênie, \mathbf{P} é a matriz que associa \mathbf{p} com \mathbf{y} e \mathbf{e} é o vetor de efeitos residuais, referentes às observações, que não são explicadas por outras partes do modelo.

As variâncias e covariâncias genéticas aditivas e residuais foram estimadas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) em análises UNI, BI e MULTI.

Para a análise multicaracterística, a expectativa modelo é:

$$E \begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ Y_3 \\ Y_4 \\ Y_5 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & X_4 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & X_5 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \beta_3 \\ \beta_4 \\ \beta_5 \end{bmatrix}$$

onde, os subscritos 1, 2, 3, 4 e 5 representam PN, PD, CE, GP e MUSC, respectivamente. A matriz de (co)variância para os efeitos genéticos é $G = G_0 \otimes A$, onde A é a matriz de parentesco e G_0 é a matriz (de ordem 9) como segue:

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{g1}^2 & \sigma_{g1,2} & \sigma_{g1,3} & \sigma_{g1,4} & \sigma_{g1,5} & \sigma_{gm1,1} & \sigma_{gm1,2} & \sigma_{gm1,3} & \sigma_{gm1,4} \\ \sigma_{g1,2} & \sigma_{g2}^2 & \sigma_{g2,3} & \sigma_{g2,4} & \sigma_{g2,5} & \sigma_{gm2,1} & \sigma_{gm2,2} & \sigma_{gm2,3} & \sigma_{gm2,4} \\ \sigma_{g1,3} & \sigma_{g2,3} & \sigma_{g3}^2 & \sigma_{g3,4} & \sigma_{g3,5} & \sigma_{gm3,1} & \sigma_{gm3,2} & \sigma_{gm3,3} & \sigma_{gm3,4} \\ \sigma_{g1,4} & \sigma_{g2,4} & \sigma_{g3,4} & \sigma_{g4}^2 & \sigma_{g4,5} & \sigma_{gm4,1} & \sigma_{gm4,2} & \sigma_{gm4,3} & \sigma_{gm4,4} \\ \sigma_{g1,5} & \sigma_{g2,5} & \sigma_{g3,5} & \sigma_{g4,5} & \sigma_{g5}^2 & \sigma_{gm5,1} & \sigma_{gm5,2} & \sigma_{gm5,3} & \sigma_{gm5,4} \\ \sigma_{gm1,1} & \sigma_{gm2,1} & \sigma_{gm3,1} & \sigma_{gm4,1} & \sigma_{gm5,1} & \sigma_{m1}^2 & \sigma_{m1,2} & \sigma_{m1,3} & \sigma_{m1,4} \\ \sigma_{gm1,2} & \sigma_{gm2,2} & \sigma_{gm3,2} & \sigma_{gm4,2} & \sigma_{gm5,2} & \sigma_{m1,2} & \sigma_{m2}^2 & \sigma_{m2,3} & \sigma_{m2,4} \\ \sigma_{gm1,3} & \sigma_{gm2,3} & \sigma_{gm3,3} & \sigma_{gm4,3} & \sigma_{gm5,3} & \sigma_{m1,3} & \sigma_{m2,3} & \sigma_{m3}^2 & \sigma_{m3,4} \\ \sigma_{gm1,4} & \sigma_{gm2,4} & \sigma_{gm3,4} & \sigma_{gm4,4} & \sigma_{gm5,4} & \sigma_{m1,4} & \sigma_{m2,4} & \sigma_{m3,4} & \sigma_{m4}^2 \end{bmatrix}$$

A matriz de (co)variância para o efeito de grupo de manejo a desmama é $W = W_0 \otimes I_w$, onde I_w é a matriz identidade de ordem apropriada para os grupos de manejo e W_0 é a matriz (de ordem 3) como segue:

$$W_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{w3}^2 & \sigma_{w3,4} & \sigma_{w3,5} \\ \sigma_{w3,4} & \sigma_{w4}^2 & \sigma_{w4,5} \\ \sigma_{w3,5} & \sigma_{w4,5} & \sigma_{w5}^2 \end{bmatrix}$$

A matriz de (co)variância para o efeito de ambiente permanente é $P = P_0 \otimes I_c$, onde I_c é a matriz identidade de ordem apropriada para as c vacas e P_0 é a matriz (de ordem 2) utilizadas

para PN e PD. \mathbf{R} é matriz de (co) variância residual (de ordem 5) entre as cinco características em estudo.

Para o modelo bivariado, PD foi considerado uma característica âncora nas análises, devido ao fato de conter maior número de informações que determinam as decisões de seleção, tal como mencionado por Meyer et al., (1993). No entanto, se os critérios de seleção consiste em cinco características em conjunto, a matriz de (co)variância para efeitos genéticos é $\mathbf{G} = \mathbf{G}_1 \otimes \mathbf{A}$, onde \mathbf{A} é a matriz de relacionamento genético e \mathbf{G}_1 é a matriz (de ordem 9) configurada de zeros nos valores de covariância que não são relacionadas com PD da seguinte forma:

$$\mathbf{G}_1 = \begin{bmatrix} \sigma_{g1}^2 & \sigma_{g1,2} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \sigma_{g1,2} & \sigma_{g2}^2 & \sigma_{g2,3} & \sigma_{g2,4} & \sigma_{g2,5} & \sigma_{gm2,1} & \sigma_{gm2,2} & \sigma_{gm2,3} & \sigma_{gm2,5} \\ 0 & \sigma_{g2,3} & \sigma_{g3}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{g2,4} & 0 & \sigma_{g4}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{g2,5} & 0 & 0 & \sigma_{g5}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{gm2,1} & 0 & 0 & 0 & \sigma_{m1}^2 & \sigma_{m1,2} & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{gm2,2} & 0 & 0 & 0 & \sigma_{m1,2} & \sigma_{m2}^2 & \sigma_{m2,3} & \sigma_{m2,5} \\ 0 & \sigma_{gm2,3} & 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{m2,3} & \sigma_{m3}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{gm2,5} & 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{m2,5} & 0 & \sigma_{m5}^2 \end{bmatrix}$$

Para o presente estudo, representação semelhante pode ser descrita para a matriz de (co)variância dos efeitos de grupo de manejo à desmama como $\mathbf{W} = \mathbf{W}_1 \otimes \mathbf{I}_w$, onde \mathbf{I}_w é a matriz identidade de ordem apropriada para w grupos de manejo e \mathbf{W}_1 é a matriz (de ordem 3) configurada de valores zero para todos os covariância consideradas, uma vez que para o modelo bivariado com PD como característica âncora, os efeitos mencionados não são correlacionados como demonstrado abaixo:

$$\mathbf{W}_1 = \begin{bmatrix} \sigma_{w3}^2 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{w4}^2 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_{w5}^2 \end{bmatrix}$$

As matrizes de (co)variância para os efeitos de ambiente permanente (P1) e residual (R1) do modelo bivariado são iguais as que foram consideradas na análise multicaracterística, com exceção das covariâncias que não estão correlacionados a PD, que configuram valor igual a zero.

O progresso genético, ou resposta à seleção, foi calculado para as características em estudo por:

$$\Delta G = i \sigma_p h^2$$

em que:

ΔG = progresso genético ou resposta à seleção por geração de seleção;

i = intensidade de seleção na característica;

σ_p = desvio-padrão fenotípico da característica;

h^2 = herdabilidade da característica.

Posteriormente foi realizado o cálculo da resposta correlacionada utilizando-se da seguinte metodologia:

$$RC_Y = i_X h_X r_{g_{XY}} \sigma_{g_Y},$$

em que:

RC_Y = resposta correlacionada em Y;

i_X = intensidade de seleção aplicada em X;

h_X = raiz quadrada da herdabilidade de X;

$r_{g_{XY}}$ = correlação genética entre X e Y;

σ_{g_Y} = desvio-padrão genético de Y.

Para realização da simulação de resposta correlacionada, foram utilizadas como critério de seleção as características que apresentarem maior capacidade de resposta à seleção, no presente estudo.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas de variâncias genéticas aditivas, residuais e fenotípicas são apresentadas na Figuras 1, 2, 3, 4 e 5, respectivamente para as características PN, PD, CE, GP e MUSC. As variâncias genéticas aditivas das análises MULTI foram superiores às estimadas nas análises UNI e BI, principalmente para as características medidas ao sobreano. Esse aumento na diferença do componente de variância genético aditivo reflete a redução do viés existente nas análises que consideram apenas o desempenho de uma característica individualmente (UNI) ou que consideram somente duas características (BI) como critério de avaliação (Meyer, 1991).

Os resultados deste trabalho confirmam os trabalhos de Mercadante et al. (2004), que observaram aumento nas estimativas de variâncias genéticas aditivas de diferentes pesos de bovinos quando avaliados em análises multicaracterística. Em outra pesquisa, avaliando pesos ao nascimento, a desmama, ao ano e à maturidade, Meyer et al. (1993) observaram aumento nas estimativas da variância genética aditiva em análises envolvendo três ou quatro pesos simultaneamente em relação às análises unicaracterística. Do mesmo modo, em trabalho mais recente, Boligon et al. (2009) analisaram animais da raça Nelore e obtiveram estimativas de variância genética aditiva superiores em análises multicaracterística se comparadas com as uni e bicaracterística para os pesos medidos a partir do sobreano.

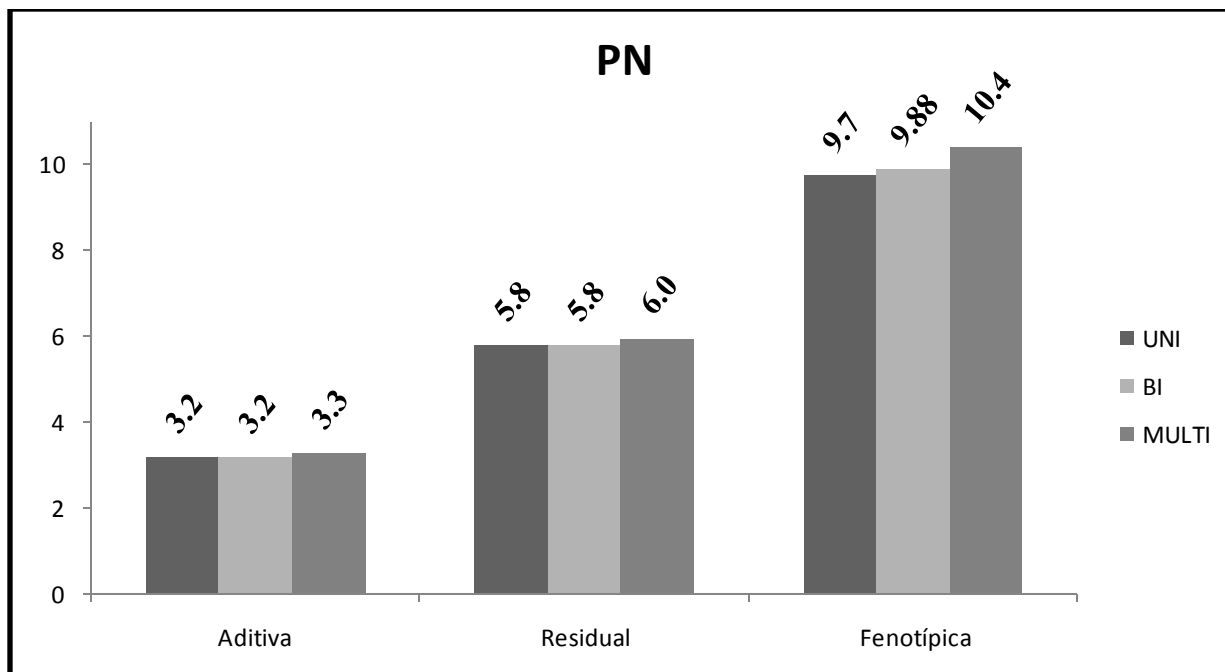


Figura 1 - Variâncias genética aditiva, residual e fenotípica estimadas em análises uni, bi e multicaracterística para peso ao nascer (PN).

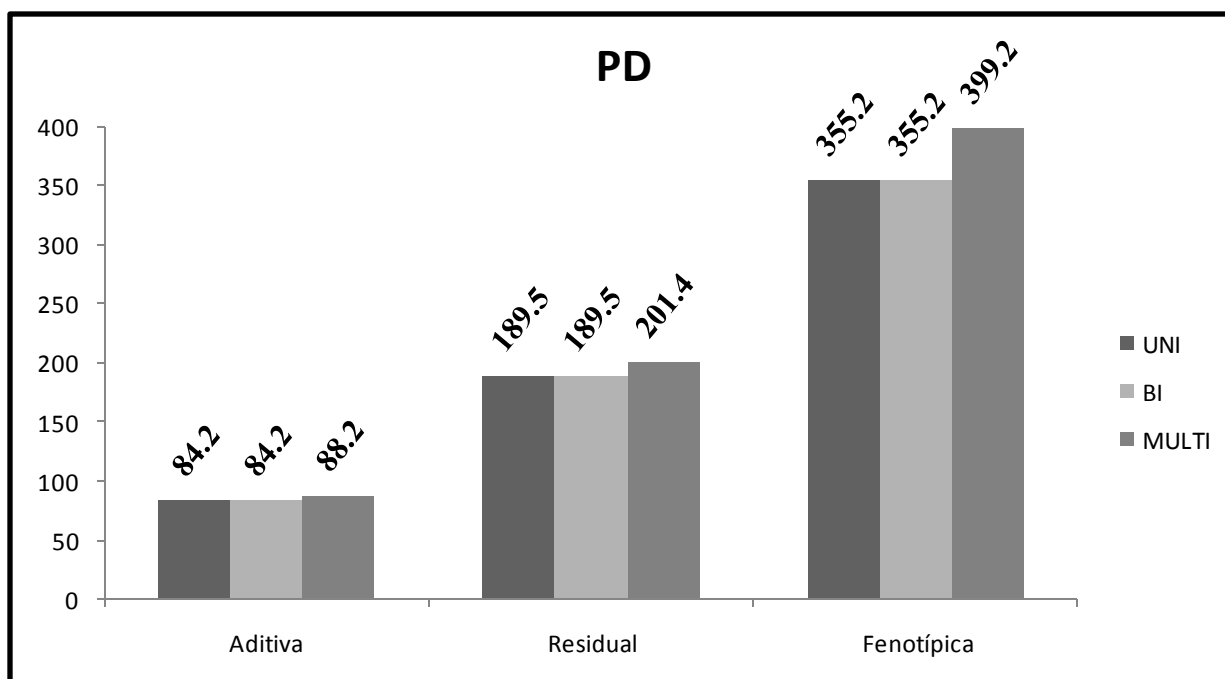


Figura 2 - Variâncias genética aditiva, residual e fenotípica estimadas em análises uni, bi e multicaracterística para peso a desmama (PD).

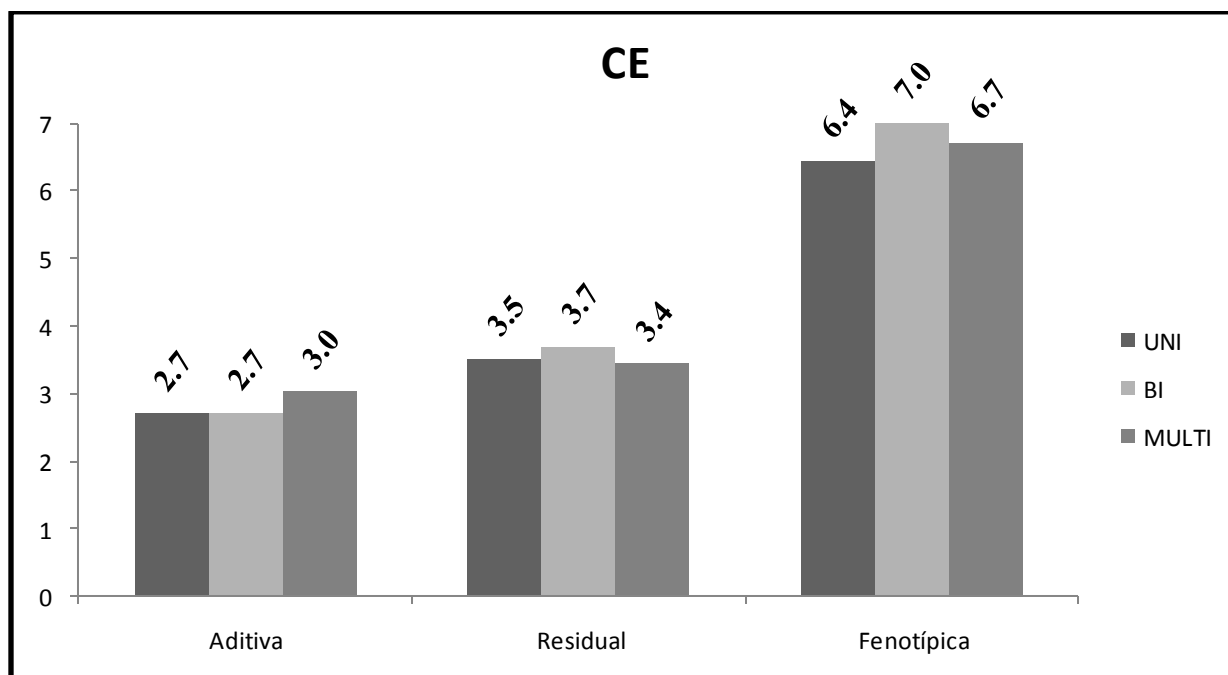


Figura 3 - Variâncias genética aditiva, residual e fenotípica estimadas em análises uni, bi e multicaracterística para circunferência escrotal (CE).

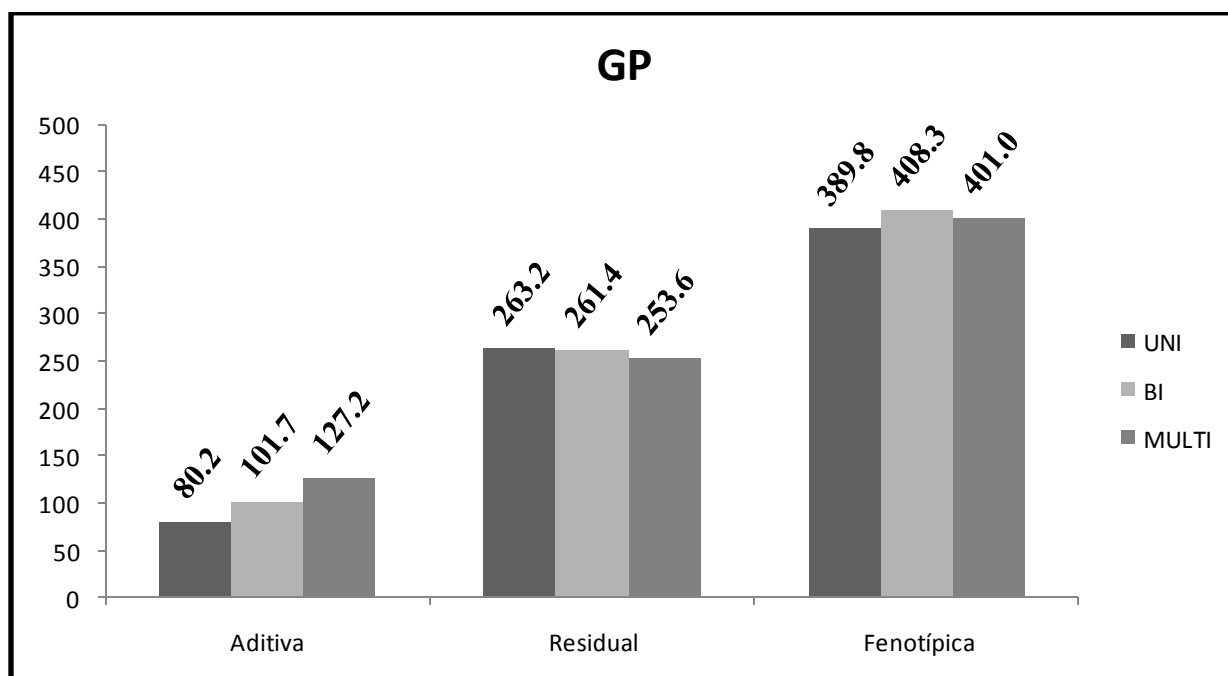


Figura 4 - Variâncias genética aditiva, residual e fenotípica estimadas em análises uni, bi e multicaracterística para ganho de peso pós-desmama (GP).

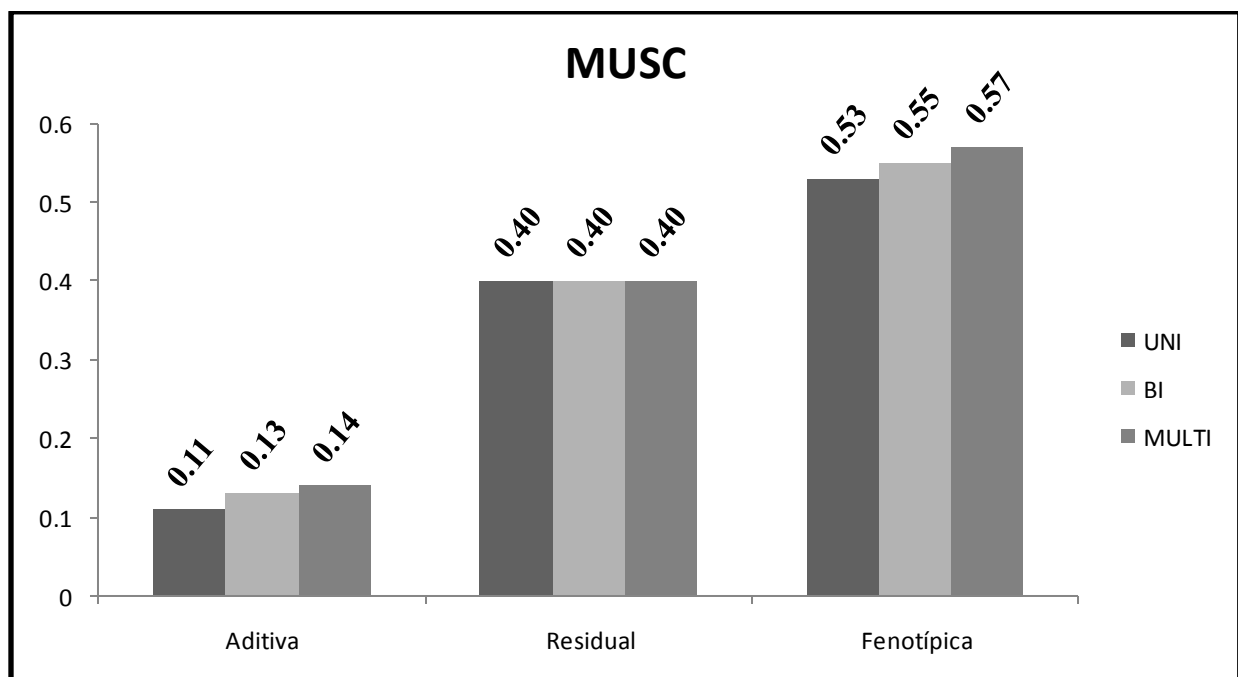


Figura 5 - Variâncias genética aditiva, residual e fenotípica estimadas em análises uni, bi e multicaracterísticas para musculosidade (MUSC).

As estimativas da variância residual para as características pós-desmama foram mais altas nas análises UNI e BI em comparação às estimadas nos modelos MULTI, com exceção de MUSC que foi semelhante para os três modelos de análise. Para as características de peso ao nascimento e peso a desmama as estimativas de variância residual obtidas nas análises UNI e BI foram inferiores as das análises MULTI. Isso se deve a influencia da pré-seleção existente no período da desmama, em que muitos animais são descartados antes de atingirem a idade ao sobreano e conseqüentemente uma subestimação da variância residual é estimada nos modelos UNI e BI. Esse resultado indica a importância da inclusão de todas as características analisadas conjuntamente para a definição dos critérios de seleção e descarte.

Para PN, PD e MUSC, as variâncias fenotípicas dos modelos UNI e BI foram menores em comparação ao MULTI, e seguiram portanto, as tendências das variâncias aditivas e residuais que compuseram as variâncias fenotípicas em cada modelo de análise. No entanto, para CE e GP, as variâncias fenotípicas foram menores para MULTI em comparação com BI, mesmo apresentando, estas características, variâncias aditivas maiores em relação a UNI e BI. Esta diferença está relacionada ao viés de análise proporcionado pela metodologia BI em relação à

MULTI (Meyer, 1991; Pollack et al., 1984) e resultará em alteração nas estimativas de herdabilidade e correlação entre as características.

As estimativas de herdabilidade das análises UNI resultaram em valores de 0,32, 0,23, 0,42, 0,21 e 0,22, respectivamente para PN, PD, CE, GP e MUSC. As correlações genéticas e estimativas de herdabilidade para os modelos BI e MULTI estão apresentados na Tabela 2.

Tabela 2 - Coeficientes de herdabilidade dos efeitos genéticos, direto e materno (diagonal) e correlação genética entre as peso ao nascimento (PN), peso a desmama (PD), circunferência escrotal (CE), ganho de peso pós-desmama (GP) e musculosidade (MUSC) (acima da diagonal).

	PN	PD	CE	GP	MUSC	PN_M	PD_M	CE_M	GP_M
BI									
PN	0,32	0,67	-0,04	0,14	0,10	-0,11	-0,13	-0,10	-0,08
PD	-	0,24	0,23	0,42	0,53	0,09	0,02	-0,16	-0,29
CE	-	-	0,39	0,38	0,34	0,00	0,04	-0,25	-0,26
GP	-	-	-	0,25	0,67	0,36	0,39	0,01	-0,56
MUSC	-	-	-	-	0,24	0,25	0,51	-0,03	-0,19
PN_M	-	-	-	-	-	0,07	0,25	0,15	-0,22
PD_M	-	-	-	-	-	-	0,07	0,58	-0,77
CE_M	-	-	-	-	-	-	-	0,12	-0,11
GP_M	-	-	-	-	-	-	-	-	0,08
MULTI									
PN	0,31	0,64	0,01	0,20	0,18	0,04	0,05	0,01	-0,19
PD	-	0,22	0,25	0,46	0,56	0,28	0,22	-0,08	-0,32
CE	-	-	0,45	0,35	0,34	0,08	0,16	-0,25	-0,23
GP	-	-	-	0,31	0,76	0,33	0,55	0,14	-0,62
MUSC	-	-	-	-	0,25	0,29	0,50	0,05	-0,51
PN_M	-	-	-	-	-	0,06	0,24	0,04	-0,13
PD_M	-	-	-	-	-	-	0,16	0,31	-0,96
CE_M	-	-	-	-	-	-	-	0,09	-0,28
GP_M	-	-	-	-	-	-	-	-	0,11

As herdabilidades estimadas para PN e PD nas análises UNI, BI e MULTI foram semelhantes pelo fato de não haver seleção no período pré-desmama, o que sugere que até a época da desmama as estimativas de herdabilidade podem ser obtidas em análise UNI. Estes resultados são condizentes com o trabalho de Meyer et al. (1993), os quais estimaram herdabilidade variando de 0,43 a 0,45 e de 0,19 a 0,21 para PN e PD, respectivamente, e Boligon et al. (2009) que obtiveram valores de 0,25 para PN e variando de 0,32 a 0,33 para PD, ambos utilizando análises uni, bi e multicaracterística. A herdabilidade estimada para PN (0,32) está condizente com as relatadas por Albuquerque & Meyer (2001) e Dias et al. (2005), as quais variaram de 0,26 a 0,28. A herdabilidade estimada para PD, está de acordo com os valores descritos na literatura para animais da raça Nelore, (Horimoto et al., 2007; Boligon et al., 2008 e 2010), e variaram de 0,28 a 0,33. As estimativas de herdabilidade materna para PN e PD foram semelhantes aos descritos por Eler et al. (2000) e Ribeiro et al. (2009) com valores entre 0,07 a 0,10 e Mercadante et al., (2000); Boligon et al.,(2008); Van Melis et al.,(2010) que obtiveram estimativas entre 0,10 a 0,17 respectivamente para PN e PD. A herdabilidade materna para PD nos modelos UNI e BI foi bem inferior a do modelo MULTI, demonstrando que parte do efeito genético materno é subestimado quando não considera todas as características conjuntamente.

As herdabilidades estimadas para as características pós-desmama foram maiores para MULTI se comparado com UNI e BI, ou seja, parte das estimativas de herdabilidade destas características são subestimadas quando realizadas pelas metodologias UNI e BI, e influenciarão as avaliações genéticas dos animais. Meyer (1995), Kaps et al. (1999) e Boligon et al. (2009) também observaram aumento significativo nas herdabilidades de características pós-desmama quando estas foram analisadas por metodologia MULTI em relação a UNI e BI. Estes autores mencionam a importância de se estimar as variâncias aditivas e residuais para cada idade considerando as correlações existentes em todas as fases da vida em estudo, ou seja, do nascimento ao sobreano. As herdabilidades estimadas para CE, GP e MUSC neste estudo são similares aos valores encontrados na literatura para a raça Nelore. Para CE, Silva et al. (2006) estimaram valores de 0,46 e Van Melis et al. (2010) obtiveram herdabilidade de 0,42 para a característica mencionada. Para GP, Van Melis et al. (2003 e 2010) obtiveram valores de 0,27 e 0,25, respectivamente, em bovinos Nelore criados no Brasil. Estimações de herdabilidade para MUSC foram reportadas por Van Melis et al. (2003 e 2010), Cardoso et al. (2004) que

apresentaram 0,22, 0,23 e 0,26, respectivamente, considerando diferentes metodologias de análise.

As correlações genéticas estimadas das características avaliadas, para os modelos BI e MULTI (Tabela 2), com PN foram positivas e de magnitudes moderadas a altas, com exceção da correlação com CE, que se apresentou praticamente nula. No entanto, é importante ressaltar que as correlações de PN com as características pós-desmama utilizando o modelo MULTI foram maiores em relação à BI, demonstrando haver subestimação dos valores de correlação quando estas são estimadas por metodologia bicaracterística. Os resultados obtidos estão de acordo com Pereira et al., (2006) e Boligon et al., (2009), em estudos correlacionando o peso ao nascimento com outras características produtivas. Da mesma forma, as correlações genéticas estimadas entre PD e as características pós-desmama, foram altas e positivas, porém maiores quando avaliados por MULTI em comparação com BI. Estes resultados estão de acordo com os descritos por Eler et al., (1996); Pereira et al., (2001) e Barichello et al., (2010) e indicam que os genes responsáveis por pesos a desmama mais elevados, em grande parte, são os mesmos que influenciam o aumento das outras características pós-desmama em questão.

As estimativas de correlações entre características pós-desmama para BI e MULTI, foram altas e positivas, estando de acordo com os valores obtidos por Pereira et al., (2010) e Pedrosa et al., (2010). As correlações de CE com GP e MUSC foram similares para ambos os modelos analisados, no entanto se comparadas às correlações de GP e MUSC, o valor apresentado em MULTI é superior em 0,09, mostrando novamente que as análises com o modelo BI resultam em valores viesados.

De maneira geral, as correlações genéticas estimadas para PN, PD, CE, GP e MUSC podem ser consideradas de relevante valor prático, já que são constantemente utilizadas como critério de seleção em bovinos de corte. No entanto o trabalho mostra que comparando o modelo MULTI aos demais modelos utilizados para avaliar estas características, importantes diferenças na estimação dos parâmetros genéticos foram obtidas. Sendo a metodologia MULTI a mais correta, pela maior proximidade com a realidade fisiológica dos animais (Pollak et al., 1984), é recomendada a utilização de MULTI como ferramenta de análise para uma melhor estimação dos componentes de variância, e conseqüentemente, das herdabilidades e correlações genéticas.

Como o modelo MULTI é o mais indicado para definição dos critérios de seleção, foi realizado, a partir de seus resultados, o cálculo dos progressos genéticos esperados, bem como o

potencial de resposta, como percentual em relação à média da característica. Para isto, o valor 1 foi considerado como a intensidade de seleção para todas as características, o que corresponde a 40% de machos e fêmeas, e utilizou-se os desvios-padrão fenotípicos e as estimativas de herdabilidade calculadas pelo programa VCE 6.0. As estimativas de progresso genético calculadas são apresentadas na Tabela 3.

Tabela 3 - Estimativas de progresso genético esperado, em valor absoluto e como percentual em relação à média, para o peso ao nascimento (PN), peso a desmama (PD), circunferência escrotal (CE), ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) e musculosidade (MUSC).

Características	Progresso genético esperado por geração	Progresso genético esperado por geração em relação à média da característica (%)
PN (kg)	0,99	3,14
PD (kg)	4,39	2,30
CE (cm)	1,14	4,18
GP (kg)	5,62	4,91
MUSC (kg)	0,19	5,16

Pode-se observar que a característica de maior potencial seletivo é MUSC, apesar de não ter sido a característica com maior estimativa de herdabilidade, apresentando um progresso genético de 5,16% em relação a sua média por geração de seleção. A seleção para MUSC é importante por estar diretamente relacionada a produção de carne e pode trazer benefícios para PN, PD e GP. No entanto, vale ressaltar que por ser uma característica de avaliação visual, o sucesso da seleção através desta, está relacionado ao bom desempenho do avaliador que atribui o escore de musculosidade.

Outra característica de grande potencial seletivo foi GP, cujo progresso genético esperado foi de 4,91% em relação à média da característica. Muitos criadores selecionam seus reprodutores através de provas para o ganho de peso, sendo esta, portanto, uma característica de grande interesse econômico e que pode contribuir para melhoria de outras importantes como PN,

PD e MUSC. Da mesma maneira, CE apresentou considerável potencial seletivo e seu progresso genético esperado foi de 4,18%. Na bovinocultura de corte, a circunferência escrotal representa uma das características reprodutivas mais importantes e mais fáceis de serem mensuradas, estando relacionada com diferentes pesos e características de avaliação visual (Eler et al., 1996).

Contudo, PN e PD apresentaram potenciais seletivos razoáveis, de 3,14 e 2,30, respectivamente. Estes resultados mostram que apesar de muitos criadores optarem por selecionar animais para o peso a desmama, para a população em estudo, o progresso genético esperado por geração para esta característica, em relação à sua média, é mais lento, e irá influenciar o desempenho de outras características como PN, CE, GP e MUSC.

Para melhor identificação do quanto a seleção para uma característica é capaz de alterar outra geneticamente relacionada, foi realizado o cálculo da resposta correlacionada utilizando como critério de seleção as características GP e MUSC, as quais apresentaram maior capacidade de progresso genético. Foram calculadas suas respostas correlacionadas sobre PN, PD e CE, além de uma sobre a outra, e a intensidade de seleção considerada foi 1, que corresponde à seleção de cerca de 40% dos machos e fêmeas do rebanho.

O estudo da resposta correlacionada de GP sobre PN, PD, CE e MUSC apresentou resultado de 0,20%, 3,41%, 0,32% e 0,19%, respectivamente por geração. Deste modo, evidenciou-se que a seleção para GP resulta em aumento, de acordo com as magnitudes mencionadas, para as características em questão, com maior destaque para PD. Este aspecto é importante, já que muitos animais são vendidos quando desmamados e precificados de acordo com o peso, e, portanto, uma resposta correlacionada favorável sobre esta característica é vantajosa ao criador.

Já no estudo de MUSC sobre as demais características, a maior resposta correlacionada foi com GP, em que, foi identificado um aumento de 5,97% por geração, quando a seleção é baseada na musculosidade. Este resultado é importante, pois, grande parte dos criadores que selecionam os animais para o aumento da qualidade de carcaça, objetiva também o incremento de peso, almejando maior retorno financeiro na época de abate. A resposta de MUSC sobre PN, PD e CE foi de respectivamente, 0,17%, 3,78% e 0,29%.

5. CONCLUSÕES

O estudo revelou que as análises multicaracterística melhoraram as estimativas de herdabilidade direta e materna em relação aos modelos uni e bivariados para as características pós-desmama. Como o peso a desmama é a característica que contém a maior parte das informações que determinam a seleção, muitos pesquisadores realizam análises bicaracterística fixando o PD, com o intuito de reduzir o viés causado pelos efeitos da seleção, no entanto este trabalho mostra que o viés somente é amenizado já que existe também a influência de outras características na fisiologia dos animais e, portanto, é recomendada a utilização do modelo MULTI para melhor definição dos critérios de seleção.

Os resultados do cálculo do progresso genético demonstram que MUSC apresentou o maior potencial seletivo em relação às demais características. A resposta correlacionada de MUSC sobre PN, PD, CE e GP demonstrou que a inclusão desta característica em programas de seleção é vantajosa e pode trazer benefícios a outras características de desenvolvimento ponderal e reprodutivo.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of direct and maternal genetic effects for weights from birth to 600 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.118, p.83-92, 2001.

BARICHELLO, F.; ALENCAR, M. M.; TORRES JUNIOR, R. A. A. e SILVA, L. O. C. Heritability and correlations for weight, scrotal circumference and visual scores at weaning, in Canchim beef cattle. **Pesquisa agropecuária brasileira**. v.45, n.6, p. 563-570, 2010.

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

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**, v.37, n.4, p.596-601, 2008.

BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; MERCADANTE, M.E.Z. et al. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.12, p.2320-2326, 2009.

CARDOSO, F.F., CARDELLINO, R.A. AND CAMPOS, L.T. (Co) variance components and genetic parameters of post-weaning traits in Angus cattle. *Revista Brasileira de Zootecnia*. v.33, p.313-319, 2004.

DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G.; TONHATI, H. et al. Estimação de parâmetros genéticos para peso em diferentes idades para animais da raça Tabapuã. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.6, p.1914-1919, 2005.

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

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

ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; GOLDEN, B.L. et al. Influência da interação touro x rebanho na estimação da correlação entre efeitos genéticos direto e materno em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.1642-1648, 2000.

MERCADANTE, M.E.Z.; LÔBO, R.B.; OLIVEIRA, H.N. Estimativas de (co)variância entre características de reprodução e de crescimento em fêmeas de um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.4, p.997-1004, 2000.

MEYER, K. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. **Genetic Selection and Evolution**, v.23, n.1, p.67-83, 1991.

GROENEVELD, E., KOVAC, M. AND MIELENZ, N. **VCE User's guide and reference manual**. Version 6.0. Department of Animal Science, University of Illinois, Urbana, IL, 2008.

GROENEVELD, E., WESTHUIZEN, B.V.D., MAIWASHE, A., VOORDEWIND, F., FERRAZ, J.B.S. POPREP: a generic report for population management. **Genetics and Molecular Research**, v.8, n.3, p.1158-1178, 2009.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics** v.31, p.423, 1975.

HENDERSON, C. R. Estimation of variances and covariances under multiple trait models. **Journal of Dairy Science**, v.67, p. 1581-1589, 1984.

HORIMOTO, A.R.V.R., FERRAZ, J.B.S., BALIEIRO, J.C.C., ELER, J.P. Phenotypic and genetic correlations for body structure scores (frame) with productive traits and index for CEIP classification in Nelore beef cattle. **Genetics and Molecular Research**, v.6, p.188–196, 2007.

KAPS, M.; HERRING, W.O.; LAMBERSON, W.R. Genetic and environmental parameters for mature weight in Angus cattle. **Journal of Animal Science**, v.77, p.569-574, 1999.

MERCADANTE, M.E.Z.; RAZOOK, A.G.; TROVO, J.B.F. et al. Parâmetros genéticos do peso no início da estação de monta, considerando indicativo do peso adulto de matrizes Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.5, p.1135-1144, 2004.

MEYER, K., CARRICK, M.J., AND DONNELLY, B.J.P. Genetic parameter for growth traits of Australian beef cattle from a multibreed selection experiment. **Journal of Animal Science**, v.71, p. 2614-2622, 1993.

MEYER, K. Estimates of genetic parameters for mature weight of Australian beef cows and its relationship to early growth and skeletal measures. **Livestock Production Science**, v.44, p.125-137, 1995.

PEDROSA, V.B.; ELER, J.P.; SILVA, J. A. II de V.; RIBEIRO, S.; SILVA, M. R.; FERRAZ, J.B.S. Estimação dos parâmetros genéticos do peso adulto na raça Nelore. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.11, n.1, p 104-113, 2010.

PEREIRA, M.C.; YOKOO, M.J.; BIGNARDI, A.B.; SEZANA, J.C.; ALBUQUERQUE, L.G. Hip height and its relationships with reproductive and growth traits in Nelore cattle. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.45, n.6, p.613-620, 2010.

PEREIRA E.; ELER, J.P; FERRAZ, J.B.S. Genetic analysis of some reproductive traits and their relationship with weight traits in Nelore cattle. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.53, p.720-727, 2001.

PEREIRA, M.C.; MERCADANTE, M.E.Z.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. Estimativas de parâmetros genéticos de características de crescimento em um rebanho Caracu selecionado para peso ao sobreano. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.4, p.1669-1676, 2006.

POLLAK, E. J., VAN DER WERF, J, AND QUAAS, R. L. Selection bias and multiple trait evaluation. **Journal of Dairy Science**, v.67, p.1590-1595, 1984.

RAMIREZ-VALVERDE R, HERNANDEZ-ALVAREZ, O.C., NUNEZ-DOMINGUEZ, R., RUIZ-FLORES, A., GARCIA-MUNIZ, J.G. Análisis univariado vs multivariado en la evaluación genética de variables de crecimiento en dos razas bovinas. **Agrociencia**, v.41, p.271-282, 2007.

RIBEIRO, S., ELER, J.P., FORMIGONI, I.B., PEDROSA, V.B., BALIEIRO, J.C.C., MATTOS, E.C.M., FERRAZ, J.B.S. Influência da interação genótipo x ambiente sobre o peso a desmama em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 61, n. 3, June 2009.

SILVA, J.A. II V., FORMIGONI, I.B., ELER, J.P. AND FERRAZ, J.B.S. Genetic relationship among stayability, scrotal circumference and post-weaning weight in Nelore cattle. **Livestock Science**. 99: 51-59, 2006.

VAN MELIS, M.H., ELER, J.P., SILVA, J.A. II V. AND FERRAZ, J.B.S. Estimate of genetic parameters in beef cattle using restricted maximum likelihood and method R. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.32, p.1624-1632, 2003.

VAN MELIS, M.H., OLIVEIRA, H.N., ELER, J.P., FERRAZ, J.B.S., CASELLAS, J. AND VARONA, L. Additive genetic relationship of longevity with fertility and production traits in Nelore cattle based on bivariate models. **Genetics and Molecular Research**, v.9, n.1, p.176-187, 2010.

VILLANUEVA, B., WRAY, N.R. AND THOMPSON, R. Prediction of asymptotic rates of response from selection on multiple traits using univariate and multivariate best linear unbiased predictors. **Animal Production**, v.57, p. 1-13, 1993.

CAPÍTULO III

Comparação entre as análises bivariadas e multicaracterística na perda de eficiência de seleção em bovinos de corte

1. RESUMO

Teorias genéticas sobre o efeito do viés causado por análises univariadas ou mesmo bivariadas são muito discutidas, em particular, no que diz respeito à seleção baseada no índice de seleção empírico que conta com algumas características de interesse para atribuição de um valor de equilíbrio entre eles. Desta forma, o objetivo deste estudo foi comparar as metodologias de avaliação genética multicaracterística e bivariadas, verificando as perdas por seleção e re-classificação no ranking dos melhores animais, em diferentes intensidades de seleção. Foram avaliados registros de 431.224 animais da raça Nelore, nascidos desde 1984 até 2008 para as características de peso ao nascer (PN), peso a desmama (PD), ganho de peso pós-desmama (GP), musculosidade (MUSC), circunferência escrotal (CE) e índice empírico de seleção (ÍNDICE). O arquivo de pedigree foi composto por 505.848 animais, incluindo 218.727 machos e 287.121 fêmeas. As predições dos valores genéticos foram obtidas utilizando o programa PEST 2 (Groeneveld, 2009) e a análise completa do pedigree foi realizada pelo software PopReport (Groeneveld et al., 2009). Foi detectado para as quatro diferentes intensidades de seleção consideradas, TOP 10, 1%, 10% e 30%, perda de eficiência de seleção e re-classificação de animais no ranking, se comparadas as metodologias multicaracterística com as bivariadas.

Palavras-chave: valores genéticos, ranking de touros, índice de seleção e intensidade de seleção.

2. INTRODUÇÃO

A análise multicaracterística tem sido recomendada para a realização de avaliações genéticas de animais (Henderson e Quaas, 1976; Thompson e Meyer, 1983; Kovac e Groeneveld, 1990; Meyer, 1991), por obterem com maior precisão os valores genéticos e, conseqüentemente, melhorar a resposta de seleção, sendo possível reduzir, ou mesmo eliminar o viés na avaliação, devido inserção de determinadas variáveis aplicadas à seleção (Pollak et al., 1984; Schaeffer, 1984). Mas, uma vez que a demanda computacional é aumentada pelo número de (co)variâncias que têm de ser estimadas em conjunto no método multicaracterística, as análises univariadas ou bivariadas freqüentemente são realizadas (Henderson, 1984; Meyer et al., 1993; Villanueva et al., 1993; Ramírez-Valverde et al., 2007).

No entanto, nos últimos anos, as melhorias dos recursos de computação permitem fácil manuseio de um grande conjunto de dados e modelos matemáticos, que podem ser analisados em conjunto com todas as características incluídas no processo de seleção (Noguera et al., 2002). Vários estudos (Eler et al., 1995; Bennett e Gregory, 1996; Ramírez-Valverde et al., 2007) têm demonstrado que análises multicaracterística são viáveis e apresentam melhores resultados em comparação com as análises bivariadas para diferentes raças de bovinos de corte.

A raça Nelore representa 80% do gado zebu (*Bos indicus indicus*) registrado no Brasil. As principais características da raça são a sua adaptabilidade às condições tropicais, embora os rebanhos apresentem grandes diferenças no potencial de crescimento e de fertilidade entre as regiões. Esta variação representa um potencial para o melhoramento genético na produção e, também, no âmbito da reprodução. As características associadas ao crescimento, como peso ao nascer (PN), peso A desmama (PD), ganho de peso pós-desmama (GP), musculosidade (MUSC) e relacionados com a reprodução, como circunferência escrotal (CE) são importantes para a eficiência dos sistemas de produção e são constantemente considerados como critério de seleção e, por essa razão, devem ser avaliados em uma análise multicaracterística para que o viés, sobre os valores genéticos preditos, seja evitado (Pollack e Quaas, 1981; Henderson, 1984). O objetivo deste estudo foi comparar a análise multicaracterística com as análises bivariadas pelo cálculo de perda de eficiência de seleção para as características de desenvolvimento ponderal e de reprodução (PN, PD, GP, MUSC e CE), bem como para o índice de seleção (ÍNDICE) na avaliação genética de bovinos da raça Nelore criados no Brasil.

3. MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados na presente pesquisa são provenientes dos arquivos da Agro-Pecuária CFM Ltda., localizadas no Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. Esta empresa vende cerca de 2000 touros jovens da raça Nelore, e cerca de 7.000 bezerros desmamados por ano. Os animais foram mantidos em pastagens de alta qualidade (40% *Brachiaria brizantha*, 50% *Panicum maximum* e 10% outros) e receberam suplementação mineral constantemente através dos anos.

Registros de 431.224 animais nascidos desde 1984 até 2008 foram analisados para a predição dos valores genéticos. As informações de pedigree foram composta por 505.848 animais, incluindo 218.727 machos e 287.121 fêmeas. A média de idade de machos e fêmeas em reprodução foi de 6,1 e 7,0 anos, respectivamente, e o intervalo de geração da população estudada foi de 6,3 anos. A média da integralidade do pedigree, que representa a proporção de conhecimentos dos ancestrais em cada geração ascendente (MacCluer et al., 1983), para os animais nascidos nos últimos 10 anos foram, 43,2%, 40,1%, 35,1%, 29,1%, 24% e 20,1% para 1, 2, 3, 4, 5 e 6 gerações, nessa ordem.

As análises foram realizadas no Departamento de Reprodução Animal e Recursos Genéticos do Instituto Friedrich Loeffler (FLI), Alemanha, em uma parceria com o Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Brasil (GMAB - FZEA / USP).

As características consideradas neste estudo foram PN, PD, GP, MUSC, CE e, também, ÍNDICE. Para a composição do índice, cada componente foi obtido através da relação entre a diferença esperada na progênie (DEP), dividida pelo seu desvio-padrão genético, onde um peso específico foi atribuído a cada característica (PD, GP, MUSC, CE) incluída, como descrito abaixo:

$$\text{ÍNDICE} = \frac{2. \text{DEP}_{PD}}{\sigma_g_{PD}} + \frac{4. \text{DEP}_{GP}}{\sigma_g_{GP}} + \frac{2. \text{DEP}_{MUSC}}{\sigma_g_{MUSC}} + \frac{2. \text{DEP}_{CE}}{\sigma_g_{CE}}$$

Os rebanhos foram distribuídos em 3265, 8144, 858, 730 e 389 grupos de contemporâneos (GC) para PN, PD, GP, MUSC, CE, respectivamente. A descrição do arquivo de dados utilizado está apresentada na tabela 1.

Tabela 1. Estatística descritiva das características, peso ao nascimento (PN), peso a desmama (PD), circunferência escrotal (CE), ganho de peso da desmama ao sobreano (GP) e musculabilidade (MUSC).

Variável ^a	Registros	Média	D.P. ^b	Mínimo	Máximo
PN (kg)	196.194	30,98	3,61	10,00	65,00
PD (kg)	428.890	171,30	28,25	60,00	337,00
GP (kg)	128.603	112,46	33,03	0,50	334,34
MUSC (escore)	118.801	3,57	0,94	1,00	6,00
CE (cm)	58.381	27,14	3,38	10,00	44,00

^a PN = peso ao nascimento, PD = peso a desmama, GP = ganho de peso pós desmama, MUSC = musculabilidade, CE = circunferência escrotal, ÍNDICE = índice emprírico de seleção.

^b Desvio padrão

Nos modelos para análises das características pré-desmama, PN e PD, foram incluídos como efeitos fixos (covariáveis) a idade do animal na data da medição, a data Juliana de nascimento, representando a época de nascimento, a idade da mãe ao parto, além do efeito de GC. E como efeitos aleatórios os efeitos genéticos, direto e materno, além do efeito de ambiente permanente da vaca.

Para as análises das características pós-desmama o modelo considerado para CE, GP e MUSC incluiu nos modelos os efeitos fixos (covariáveis) de idade do animal na data da medição, a data Juliana de nascimento, representando a época de nascimento, a idade da mãe ao parto,

além do efeito de GC. E, como efeitos aleatórios, os efeitos genéticos diretos e os efeitos maternos, exceto para MUSC por não ter apresentado efeito significativo para estas características em análises prévias.

Em notação matricial, todos os modelos utilizados neste estudo pode ser apresentados em conjunto, como segue:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{g} + \mathbf{M}\mathbf{m} + \mathbf{W}\mathbf{w} + \mathbf{P}\mathbf{p} + \mathbf{e}$$

Onde, \mathbf{y} é um vetor $N \times 1$ de registros, $\boldsymbol{\beta}$ denota o vetor de efeitos fixos, \mathbf{X} é a matriz que associa $\boldsymbol{\beta}$ com \mathbf{y} , \mathbf{g} é o vetor de efeitos genéticos direto, \mathbf{Z} é a matriz que associa \mathbf{g} com \mathbf{Y} ; \mathbf{m} é o vetor de efeito genético materno, \mathbf{M} é a matriz que associa \mathbf{m} com \mathbf{y} ; \mathbf{w} é o vetor dos efeitos de grupo de manejo a desmama, \mathbf{W} é a matriz que associa \mathbf{w} com \mathbf{y} , \mathbf{p} é o vetor do efeito de ambiente permanente mais os efeitos genéticos não aditivos atribuídos pelas mães a sua progênie, \mathbf{P} é a matriz que associa \mathbf{p} com \mathbf{y} e \mathbf{e} é o vetor de efeitos residuais, referentes às observações, que não são explicadas por outras partes do modelo.

Para a análise multicaracterística, a expectativa modelo é:

$$E \begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ Y_3 \\ Y_4 \\ Y_5 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & X_4 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & X_5 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \beta_3 \\ \beta_4 \\ \beta_5 \end{bmatrix}$$

onde, os subscritos 1, 2, 3, 4 e 5 representam PN, PD, GP, MUSC e CE, respectivamente. A matriz de (co)variância para os efeitos genéticos é $\mathbf{G} = \mathbf{G}_0 \otimes \mathbf{A}$, onde \mathbf{A} é a matriz de coeficientes de parentesco e \mathbf{G}_0 é a matriz (de ordem 9) como segue:

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{g1}^2 & \sigma_{g1,2} & \sigma_{g1,3} & \sigma_{g1,4} & \sigma_{g1,5} & \sigma_{gm1,1} & \sigma_{gm1,2} & \sigma_{gm1,3} & \sigma_{gm1,4} \\ \sigma_{g1,2} & \sigma_{g2}^2 & \sigma_{g2,3} & \sigma_{g2,4} & \sigma_{g2,5} & \sigma_{gm2,1} & \sigma_{gm2,2} & \sigma_{gm2,3} & \sigma_{gm2,4} \\ \sigma_{g1,3} & \sigma_{g2,3} & \sigma_{g3}^2 & \sigma_{g3,4} & \sigma_{g3,5} & \sigma_{gm3,1} & \sigma_{gm3,2} & \sigma_{gm3,3} & \sigma_{gm3,4} \\ \sigma_{g1,4} & \sigma_{g2,4} & \sigma_{g3,4} & \sigma_{g4}^2 & \sigma_{g4,5} & \sigma_{gm4,1} & \sigma_{gm4,2} & \sigma_{gm4,3} & \sigma_{gm4,4} \\ \sigma_{g1,5} & \sigma_{g2,5} & \sigma_{g3,5} & \sigma_{g4,5} & \sigma_{g5}^2 & \sigma_{gm5,1} & \sigma_{gm5,2} & \sigma_{gm5,3} & \sigma_{gm5,4} \\ \sigma_{gm1,1} & \sigma_{gm2,1} & \sigma_{gm3,1} & \sigma_{gm4,1} & \sigma_{gm5,1} & \sigma_{m1}^2 & \sigma_{m1,2} & \sigma_{m1,3} & \sigma_{m1,4} \\ \sigma_{gm1,2} & \sigma_{gm2,2} & \sigma_{gm3,2} & \sigma_{gm4,2} & \sigma_{gm5,2} & \sigma_{m1,2} & \sigma_{m2}^2 & \sigma_{m2,3} & \sigma_{m2,4} \\ \sigma_{gm1,3} & \sigma_{gm2,3} & \sigma_{gm3,3} & \sigma_{gm4,3} & \sigma_{gm5,3} & \sigma_{m1,3} & \sigma_{m2,3} & \sigma_{m3}^2 & \sigma_{m3,4} \\ \sigma_{gm1,4} & \sigma_{gm2,4} & \sigma_{gm3,4} & \sigma_{gm4,4} & \sigma_{gm5,4} & \sigma_{m1,4} & \sigma_{m2,4} & \sigma_{m3,4} & \sigma_{m4}^2 \end{bmatrix}$$

A matriz de (co)variância para o efeito de grupo de manejo a desmama é $W=W_0 \otimes I_W$, onde I_W é a matriz identidade de ordem apropriada para os grupos de manejo e W_0 é a matriz (de ordem 3) como segue:

$$W_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{w3}^2 & \sigma_{w3,4} & \sigma_{w3,5} \\ \sigma_{w3,4} & \sigma_{w4}^2 & \sigma_{w4,5} \\ \sigma_{w3,5} & \sigma_{w4,5} & \sigma_{w5}^2 \end{bmatrix}$$

A matriz de (co)variância para o efeito de ambiente permanente é $P=P_0 \otimes I_C$, onde I_C é a matriz identidade de ordem apropriada para as c vacas e P_0 é a matriz (de ordem 2) utilizadas para PN e PD. R é matriz de (co) variância residual (de ordem 5) entre as cinco características em estudo.

Para o modelo bivariado, PD foi considerado uma característica permanente nas análises, devido ao fato de conter maior número de informações que determinam as decisões de seleção, tal como mencionado por Meyer et al., (1993). No entanto, se os critérios de seleção consiste em cinco características em conjunto, a matriz de (co)variância para efeitos genéticos é $G = G_1 \otimes A$, onde A é a matriz de relacionamento genético e G_1 é a matriz (de ordem 9) configurada de zeros nos valores de covariância que não são relacionadas com PD da seguinte forma:

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{g1}^2 & \sigma_{g1,2} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \sigma_{g1,2} & \sigma_{g2}^2 & \sigma_{g2,3} & \sigma_{g2,4} & \sigma_{g2,5} & \sigma_{gm2,1} & \sigma_{gm2,2} & \sigma_{gm2,3} & \sigma_{gm2,5} \\ 0 & \sigma_{g2,3} & \sigma_{g3}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{g2,4} & 0 & \sigma_{g4}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{g2,5} & 0 & 0 & \sigma_{g5}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{gm2,1} & 0 & 0 & 0 & \sigma_{m1}^2 & \sigma_{m1,2} & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{gm2,2} & 0 & 0 & 0 & \sigma_{m1,2} & \sigma_{m2}^2 & \sigma_{m2,3} & \sigma_{m2,5} \\ 0 & \sigma_{gm2,3} & 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{m2,3} & \sigma_{m3}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{gm2,5} & 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{m2,5} & 0 & \sigma_{m5}^2 \end{bmatrix}$$

Para o presente estudo, representação semelhante pode ser descrita para a matriz de (co)variância dos efeitos de grupo de manejo à desmama como $W=W_1 \otimes I_w$, onde I_w é a matriz identidade de ordem apropriada para w grupos de manejo e W_1 é a matriz (de ordem 3) configurada de valores zero para todos os covariância consideradas, uma vez que para o modelo bivariado com PD como característica fixa na análise, os efeitos mencionados não são correlacionados como demonstrado abaixo:

$$W_1 = \begin{bmatrix} \sigma_{w3}^2 & 0 & 0 \\ 0 & \sigma_{w4}^2 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_{w5}^2 \end{bmatrix}$$

As matrizes de (co)variância para os efeitos de ambiente permanente (P1) e residual (R1) do modelo bivariado são iguais as que foram consideradas na análise multicaracterística, com exceção das covariâncias, que não estão correlacionados a PD, que configuram valor igual a zero.

Perda de Eficiência de Seleção

Para o cálculo da perda de eficiência de seleção foi assumido que a análise multicaracterística é o método correto em comparação com o modelo bivariado como demonstrado por Meyer, (1991). Além disso, há uma boa razão para assumir seguramente que,

não é comum ou é impossível selecionar apenas duas características separadamente, sem afetar outras características importantes de produção. Assim, os valores genéticos da análise multicaracterística foram tomados como os mais corretos em relação a realidade fisiológica dos animais. Portanto, a seleção dos melhores animais a partir destes BLUPs produzirá resposta genética máxima. Qualquer outro grupo de animais reprodutores irá resultar em uma redução da média do valor genético, para qualquer intensidade de seleção.

Na primeira etapa, todos os animais incluídos no conjunto de dados foram avaliados. Duas diferentes médias de DEP, que foram a base para o cálculo da perda de eficiência de seleção, foram obtidos. Primeiro, a média das DEPs dos animais selecionados pelo método multivariado conjunto (MULTI) e, posteriormente, os resultados das DEPs multicaracterística para os animais correspondentes selecionados pelo modelo bivariado (BI), uma vez que estes resultados foram considerados como "verdadeiros" valores genéticos. Quatro intensidades de seleção foram consideradas (top 10, 1%, 10% e 30%) para calcular o percentual de perda, que era basicamente computada como recomendado por Peskovicova et al., (2004):

$$\text{Porcentagem de perda de eficiência de seleção: } 100 - [(BI / MULTI) * 100]$$

Em uma segunda etapa, foram analisados todos os machos nascidos entre 1998 e 2005, uma vez que nessa idade eles podem ser selecionados como reprodutores, que irão contribuir geneticamente para as próximas gerações. Para este caso, como verificação da perda genética, foram avaliados no ranking, os 10 melhores machos selecionados para todas as características e, também para o INDICE e para as análises MULTI e BI. Depois disso, foi verificada graficamente, nas quatro intensidades de seleção consideradas, os valores médios do ÍNDICE comparando os métodos BI e MULTI.

Para todas as análises, as predições dos valores genéticos foram obtidos utilizando o programa PEST 2 (Groeneveld, 2009). Estimativas REML calculadas pelo programa VCE 6,0 (Groeneveld et al., 2008) foram utilizadas como parâmetros de entrada para as matrizes de covariância. A análise completa do pedigree foi realizada pelo software PopReport (Groeneveld et al., 2009).

4. RESULTADOS

A média dos resultados de DEP para cada variável estudada, incluindo todos os animais, e as percentagens de perda de eficiência de seleção genética, a partir da diferença entre os métodos MULTI e BI, estão representados na Tabela 2. Como MULTI foi considerado, de forma segura, como valor genético “verdadeiro”, todas as médias de DEP obtidas foram maiores para MULTI do que para BI, em especial para baixas intensidades de seleção.

Para as quatro diferentes intensidades de seleção consideradas, TOP 10, 1%, 10% e 30%, a perda de eficiência de seleção, em parte, dependeu da intensidade de seleção, já que foi constatada uma tendência de diminuição do percentual de perda, conforme foi aumentada a intensidade de acordo com os resultados de PN, PD e ÍNDICE. No entanto, houve exceções a esta tendência e a perda de eficiência de seleção oscilou para entre os níveis de intensidade de seleção, como verificado para CE, GP e MUSC, uma vez que entre os intervalos TOP 10 e 30%, a diferença média das DEPs, entre os dois métodos mostrou-se constante.

PN e PD apresentaram consideráveis percentuais de perda, especialmente para a intensidade de seleção TOP 10 (9,09 e 8,43, respectivamente), bem como MUSC, que apresentou perda na ordem de 5,88, 2,44, 4,00 e 6,25 para o TOP 10, 1% , 10% e 30%, respectivamente. Para CE, GP e ÍNDICE os percentuais foram baixos e variaram entre 1,69 e 2,70 para CE, 1,36 e 2,16 para GP e 0,74 e 1,78 para ÍNDICE.

Tabela 2. Perda de eficiência de seleção de acordo com o número de animais selecionados.

Variáveis ^a	TOP 10			TOP 1%			TOP 10%			TOP 30%		
	Multi ^b	Bi ^c	% ^d	Multi	Bi	%	Multi	Bi	%	Multi	Bi	%
PN	2,42	2,20	9,09	1,29	1,23	4,65	0,76	0,73	3,95	0,44	0,43	2,27
PD	13,29	12,17	8,43	8,54	8,15	4,57	5,67	5,47	3,53	3,71	3,62	2,43
CE	2,17	2,13	1,84	1,18	1,16	1,69	0,66	0,65	1,52	0,37	0,36	2,70
GP	16,13	15,91	1,36	8,35	8,20	1,80	5,09	4,98	2,16	3,19	3,13	1,88
MUSC	0,68	0,64	5,88	0,41	0,40	2,44	0,25	0,24	4,00	0,16	0,15	6,25
ÍNDICE	10,65	10,46	1,78	6,50	6,40	1,54	4,18	4,12	1,44	2,69	2,67	0,74

^a PN = peso ao nascimento, PD = peso a desmama, GP = ganho de peso pós desmama, MUSC = musculosidade, CE = circunferência escrotal, ÍNDICE = índice de seleção empírico.

^b Multi = Diferença esperada média na progênie na análise multicaracterística.

^c Bi = Diferença esperada na progênie na análise multicaracterística, para os animais selecionados pela análise bivariada.

^d % = Percentagem de perda de eficiência de seleção.

Como segunda parte desta pesquisa, foi estudada a influência da perda de eficiência de seleção nos machos, desde que a seleção dos melhores touros é afetada pelo viés gerado pela utilização do método incorreto de seleção. A percentagem de re-classificação de touros selecionados na intensidade de seleção TOP 10 estão representadas na Tabela 3, pelos métodos multivariados conjuntos e bivariados para o peso ao nascer (PN), peso à desmama (PD), ganho de peso pós-desmama (GP), musculosidade (MUSC) , circunferência escrotal (CE) e índice de seleção empírico (ÍNDICE).

Para as cinco características estudadas e do índice, o melhor animal foi o mesmo para ambos os métodos considerados, mas para PD, MUSC e ÍNDICE a partir do segundo animal selecionado, uma nova classificação foi estabelecida, indicando a perda de eficiência de seleção, desde o início da classificação. Para as outras características, uma tendência semelhante foi observada em PN, CE e GP, ocorrendo alteração no ranking a partir da posição quatro, cinco e seis, respectivamente. Para maiores intensidades de seleção (não apresentadas), obviamente, espera-se que uma variação superior no ranking deva ocorrer, já que um número maior de animais estariam envolvidos na comparação e, desde que uma posição no ranking seja modificada, a tendência é que haja uma aleatorização das outras posições.

A pequena diferença de valores das DEPs entre o primeiro e o último animal selecionado representa a qualidade dos touros para o grupo escolhido. A variação das DEPs entre extremos no ranking para a análise bivariada e multicaracterística, para a intensidade de seleção TOP 10 foram, respectivamente, 0,94, 1,16 para PN, 1,53, 2,70, para PD, 0,22, 0,28 para CE, 3,28, 3,93 para GP; 0,09, 0,12 para MUSC e 0,92, 1,26 para ÍNDICE. Estes resultados mostraram que para todas as variáveis da análise multicaracterística a diferença entre as DEPs do primeiro e do último animal selecionado é menor do que para a bivariada.

Table 3. Porcentagem de re-classificação dos machos selecionados (TOP 10), comparando-se os métodos multivariado conjunto com o bivariado para peso ao nascer (PN), peso a desmama (PD), ganho de peso pós-desmama (GP), musculosidade (MUSC), circunferência escrotal (CE) e índice empírico de seleção (ÍNDICE).

		PN			PD				
Animal	Multi ^a	Animal	Bi ^b	% ^c	Animal	Multi ^a	Animal	Bi ^b	% ^c
ES211599	2.96	ES211599	2.96		SF292998	13.72	SF292998	13.72	
SF152700	2.29	SF152700	2.29		ART20904	13.54	PO124099	13.16	
CH928200	2.29	CH928200	2.29		PO124099	13.16	CH865299	13.09	
XX452198	2.23	PC353798	2.15		CH865299	13.09	PO125099	12.78	
PC353798	2.15	CH577001	2.10	70	PO125099	12.78	PO130799	12.75	90
CH577001	2.10	CH865199	2.04		PO130799	12.75	SF192904	12.24	
CH865199	2.04	PO101798	1.95		SF192904	12.24	CH444401	12.22	
CH200701	2.03	SF422001	1.91		CH444401	12.22	AR237601	12.07	
CH922000	2.02	PC515200	1.91		SF367600	12.21	PO101798	11.46	
PO096698	2.02	LG220304	1.80		PO123799	12.19	PC353798	11.02	

CE					GP						
Animal	Multi ^a	Animal	Bi ^b	% ^c	Animal	Multi ^a	Animal	Bi ^b	% ^c		
SF464701	2.22	SF464701	2.22		SF432699	15.69	SF432699	15.69			
LA368900	2.17	LA368900	2.17		CH219302	15.21	CH219302	15.21			
SF160003	2.16	SF160003	2.16		CH090500	13.34	CH090500	13.34			
SF006199	2.07	SF006199	2.07		CH301301	13.28	CH301301	13.28			
SF447603	2.06	SF027898	2.04	60	SF160299	12.98	SF160299	12.98	50		
SF027898	2.04	CH039102	2.01		CH327004	12.68	SF417302	12.47			
CH039102	2.01	SF425402	2.01		SF274300	12.65	SF513104	12.46			
SF425402	2.01	SF299003	2.00		SF417302	12.47	CH748299	12.03			
SF299003	2.00	SF032701	2.00		SF513104	12.46	CH311501	11.98			
SF032701	2.00	SF020898	1.94		ART07704	12.41	FN162502	11.76			
MUSC					INDICE						
Animal	Multi ^a	Animal	Bi ^b		% ^c	Animal	Multi ^a	Animal		Bi ^b	% ^c
SF370303	0.65	SF370303	0.65			SF162003	9.89	SF162003		9.89	
CH312904	0.61	ART07704	0.60			CH219302	9.80	SF031699		9.68	

ART07704	0.60	SF109602	0.60	90	SF031699	9.68	SF084602	9.55	90
SF109602	0.60	SF157103	0.60		SF084602	9.55	SF417302	9.42	
SF157103	0.60	CH332804	0.60		SF417302	9.42	SF376203	9.05	
CH332804	0.60	SF361700	0.60		CH327004	9.29	SF083798	8.84	
SF361700	0.60	SF356603	0.58		SF513104	9.16	LG310003	8.79	
ART20904	0.58	SF084602	0.56		SF376203	9.05	SF444902	8.72	
SF356603	0.58	ART02504	0.53		CH312904	9.00	CH312701	8.69	
ART01003	0.56	ART07803	0.53		CH308604	8.97	ART20904	8.63	

^a Multi = Diferença esperada na progênie na análise multicaracterística.

^b Bi = Diferença esperada na progênie na análise multicaracterística, para os animais selecionados pela análise bivariada.

^c % = Porcentagem de re-classificação dos animais selecionados, comparando-se os métodos.

A Figura 1 representa a comparação da queda de unidade de ÍNDICE para os dois métodos, para as quatro intensidades de seleção do índice, sendo menor para BI, em comparação com MULTI para todas as populações selecionadas. Para TOP 10, TOP 1%, TOP 10% e TOP 30% as unidades de índice diminuíram respectivamente em cerca de 90%, 50%, 30% e 20%, quando comparados os resultados MULTI com o BI. Estas reduções nas unidades de índice na metodologia de BI demonstram a perda de eficiência de seleção genética para cada intensidade de seleção, apenas por não ser utilizado o sistema mais correto de análise.

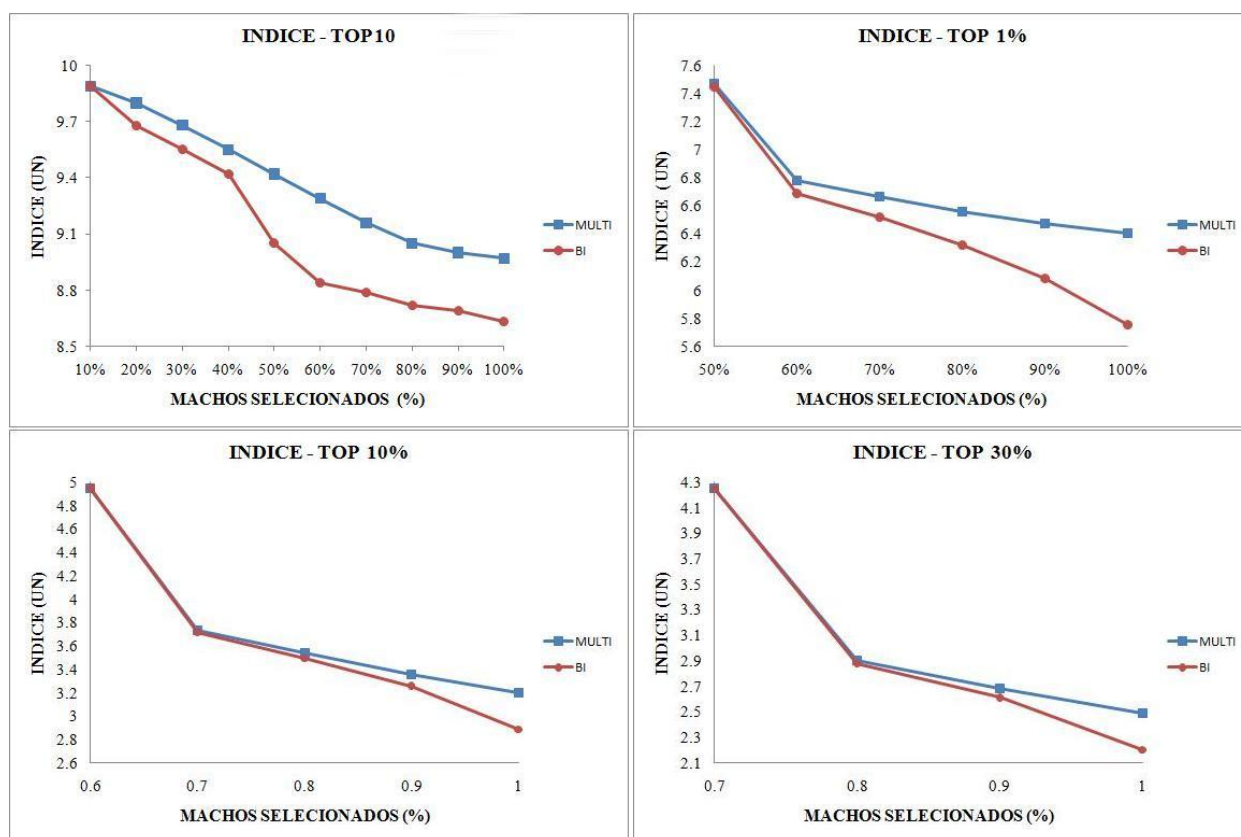


Figura 1. Índice de seleção para os machos top 10, 1%, 10% e 30%, utilizando os métodos multivariado conjunto e o bivariado.

MULTI = Unidade do índice da análise multicaracterística.

BI = Unidade do índice da análise multicaracterística, para os animais selecionados pelo método bivariado.

Machos selecionados (%) = Porcentagem do total de machos selecionados para cada classe de intensidade de seleção (top 10, 1%, 10% e 30%).

5. DISCUSSÃO

A maior parte dos programas de melhoramento genético animal utiliza o método bivariado nas avaliações (Henderson, 1984; Meyer et al., 1993; Villanueva et al., 1993; Ramírez-Valverde et al., 2007), mas análises experimentais anteriores motivaram a realização deste trabalho, já que foi observado que as análises bivariada e multicaracterística levaram a diferentes padrões de respostas nos valores genéticos estimados. Estas diferenças podem ser explicadas pelo viés gerado como resultado da utilização de valores zero nas (co)variâncias entre características, objeto de seleção, (Henderson e Quaas, 1976; Thompson e Meyer, 1983; Schaeffer, 1984; Kovac e Groeneveld, 1990). Quanto mais as (co)variâncias entre importantes características forem desconsideradas, mais os valores genéticos estimados diferem dos valores verdadeiros.

Embora alguns resultados do percentual de perda de eficiência de seleção tenham sido baixos, considerando toda a população estudada, a presença de viés, utilizando o método BI foi evidente. Esta baixa diferença na média das DEPs para os métodos pode ser explicada pelo fato de que, independentemente da metodologia, a atribuição de altos valores genéticos para os melhores animais da população, está condicionada ao elevado número de parentes dos animais superiores, como demonstrado por Falconer e Mackay, (1996). Por esta razão, espera-se que grande parte dos melhores animais, que têm um grande número de informações de pedigree relacionadas, estaria presentes no top dos rankings MULTI e BI, concomitantemente.

A presente pesquisa também demonstrou que a maior influência de não ser utilizado o método mais adequado de avaliação genética foi a re-classificação causada pelo viés de análise. Pollak et al., (1984), alertou para possíveis problemas de re-classificação no ranking quando a avaliação genética ocorreu desconsiderando a correlação genética entre características importantes. Os autores concluíram que por não utilizarem o método multivariado, houve uma tendência para super estimar os piores touros e subestimar os melhores touros. Por esta razão, muitos touros ainda têm sido utilizados como os melhores animais de um determinado rebanho, quando na verdade outros melhores reprodutores são descartados por serem considerados inferiores.

Considerando a estimativa não viesada de valores genéticos como o "valor verdadeiro", para as características objeto de seleção, diretamente influencia o cálculo do índice empírico, uma vez que este depende da confiabilidade dos resultados das características utilizadas no cálculo, para ser considerado o mais aproximado do índice real. A maioria dos países utiliza os valores genéticos de análises univariada e bivariada, e assim também calculam e publicam os valores de índices de mérito total desses valores genéticos. Em situações em que as correlações entre as características não são consideradas, os valores genéticos calculados serão viesados (Henderson, 1975; Schaeffer et al., 1998; Lassen et al., 2007).

As perdas nos valores do índice empírico, para as quatro intensidades de seleção demonstram que independentemente do número de animais selecionados existe diferenciação na escolha dos animais de acordo com a metodologia. De acordo com Groeneveld et al., (1992), o dispêndio computacional exigido por uma análise multicaracterística é irrelevante se considerado o provável ganho genético em cada geração animal, pela seleção mais aproximada da realidade, dos reprodutores a serem utilizados no rebanho.

6. CONCLUSÃO

Simplesmente saber da existência de viés e permitir o cálculo viesado do índice de seleção por não fazer uso das mais modernas ferramentas de avaliação genética, não pode mais acontecer em programas sérios de melhoramento genético, nos dias atuais. A importância da utilização de algoritmos mais complexos que aproximem o cálculo do valor estimado com o valor real não deve ser ignorada, tendo em vista que o presente avanço computacional nos permite em poucas dias ou horas que soluções multicaracterística forneçam resultados mais precisos e conseqüentemente, um índice mais confiável que sirva de auxílio ao criador no momento da seleção.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

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

GROENEVELD, E., KOVAC, M. AND MIELENZ, N. **VCE User's guide and reference manual**. Version 6.0. Department of Animal Science, University of Illinois, Urbana, IL, 2008.

GROENEVELD, E., M. KOVAC, AND N. MIELENZ. **PEST2 User's guide and reference manual**. Version 2.0. Department of Animal Science, University of Illinois, Urbana, IL, 2009.

GROENEVELD, E., WESTHUIZEN, B.V.D., MAIWASHE, A., VOORDEWIND, F., FERRAZ, J.B.S. POPREP: a generic report for population management. **Genetics and Molecular Research**, v.8, n.3, p.1158-1178, 2009.

HENDERSON, C.R. Comparison of alternative sire evaluation methods. **Journal of Dairy Science**, v.41, p.760-770, 1975.

HENDERSON, C. R., AND QUAAS, R. L. Multiple trait evaluation using relatives records. **Journal of Animal Science**, v.43, p.1188-1197, 1976.

HENDERSON, C. R. Estimation of variances and covariances under multiple trait models. **Journal of Dairy Science**, v.67, p. 1581-1589, 1984.

KOVAC, M., AND GROENEVELD, E. Multivariate genetic evaluation in swine combining data from different testing schemes. **Journal of Animal Science**, v.68, p.3507-3522, 1990.

LASSEN, J., SORENSEN M. K., MADSEN, P. DUCROCQ, V. An approximate multitrait model for genetic evaluation in dairy cattle with a robust estimation of genetic trends. **Genetic Selection and Evolution**, v.39, p.353-367, 2007.

MACCLUER, J. W., BOYCE, A. J., DYKE, B., WEITKAMP, L. R., PFENNIG, D. W. AND PARSONS, C. J. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. **J. Hered.** v.74, p.394-399, 1983.

MEYER, K. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. **Genetic Selection and Evolution**, v.23, n.1, p.67-83, 1991.

MEYER, K., CARRICK, M.J., AND DONNELLY, B.J.P. Genetic parameter for growth traits of Australian beef cattle from a multibreed selection experiment. **Journal of Animal Science**, v.71, p. 2614-2622, 1993.

NOGUERA, J. L., VARONA, L., BABOT, D. AND ESTANY, J. Multivariate analysis of litter size for multiple parities with production traits in pigs: I. Bayesian variance component estimation. **Journal of Animal Science**, v.80, p.2540-2547, 2002.

PESKOVICOVA, D., GROENEVELD, E., WOLF, J., Effect of genetic groups on the efficiency of selection in pigs, **Livestock Production Science**, v.88, p.213–222, 2004.

POLLAK, E. J., VAN DER WERF, J, AND QUAAS, R. L. Selection bias and multiple trait evaluation. **Journal of Dairy Science**, v.67, p.1590-1595, 1984.

RAMIREZ-VALVERDE R, HERNANDEZ-ALVAREZ, O.C., NUNEZ-DOMINGUEZ, R., RUIZ-FLORES, A., GARCIA-MUNIZ, J.G. Análisis univariado vs multivariado en la evaluación genética de variables de crecimiento en dos razas bovinas. **Agrociencia**, v.41, p.271-282, 2007.

SCHAEFFER, L. R. Sire and cow evaluation under multiple trait models. **Journal of Dairy Science**, v.67, p.1567-1580, 1984.

THOMPSON, R., AND MEYER, K. A review of theoretical aspects in the estimation of breeding values for multi-trait selection. **Livestock Production Science**, v.15, p.299-313, 1986.

VILLANUEVA, B., WRAY, N.R. AND THOMPSON, R. Prediction of asymptotic rates of response from selection on multiple traits using univariate and multivariate best linear unbiased predictors. **Animal Production**, v.57, p. 1-13, 1993.

5. IMPLICAÇÕES FINAIS

De acordo com os resultados das estimativas de herdabilidade e correlações genéticas, pode-se concluir que a seleção com base nas características de musculosidade, desenvolvimento ponderal e reprodutivo pode promover ganhos genéticos significativos em animais da raça Nelore.

Observou-se que a utilização do modelo A_GMANDES não prejudicou as estimativas dos coeficientes de herdabilidade, mostrando que a inclusão do GMANDES como efeito aleatório é benéfica, já que evita a formação de GC's com poucos animais e, conseqüentemente, com pouca variabilidade.

O estudo revelou ainda que as análises MULTI melhoraram as estimativas de herdabilidade direta e materna, em relação aos modelos UNI e BI, para as características pós-desmama. Além disto, por ser o modelo que mais se aproxima da realidade fisiológica dos animais, a metodologia MULTI reduz o viés presente nas análises UNI e BI e, portanto, a sua utilização é recomendada, para melhor definição dos critérios de seleção.

Os resultados dos cálculos de progresso genético demonstram que MUSC apresentou o maior potencial seletivo em relação à PN, PD, CE e GP, e a respostas correlacionadas desta característica sobre as demais, evidenciaram que a inclusão de MUSC em programas de seleção é vantajosa, pois também possibilita aumento no desempenho ponderal e reprodutivo.

A avaliação genética de touros, utilizando-se os modelos BI e MULTI demonstrou que, os percentuais de perda de eficiência de seleção, apesar de baixos, mostraram a presença de viés, quando BI foi aplicado. Estas perdas influenciaram indiretamente o cálculo do índice empírico de seleção, evidenciando que o maior problema da não utilização do método mais adequado de avaliação genética foi a re-classificação de touros causada pelo viés de análise. Com os atuais avanços computacionais, as análises multicaracterística tornaram-se ferramentas essenciais nas avaliações genéticas, possibilitando a aceleração dos ganhos por geração e o aperfeiçoamento na escolha dos melhores reprodutores a serem utilizados pelos criadores.