UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO

FACULDADE DE ZOOTECNIA E ENGENHARIA DE ALIMENTOS

GERSON ANTÔNIO DE OLIVEIRA JÚNIOR

Estudo de diferentes estruturas de grupos genéticos aditivos visando ao aumento da eficiência de seleção em bovinos de corte

Pirassununga
2013

GERSON ANTÔNIO DE OLIVEIRA JÚNIOR

Estudo de diferentes estruturas de grupos genéticos aditivos visando ao aumento da eficiência de seleção em bovinos de corte

VERSÃO CORRIGIDA

Dissertação apresentada à Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, como parte dos Requisitos para obtenção do Título de Mestre em Ciências.

Área de Concentração: Qualidade e Produtividade Animal

Orientador: Prof. Dr. Joanir Pereira Eler

Pirassununga
2013

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação

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

O48e

Oliveira Júnior, Gerson Antônio de
Estudo de diferentes estruturas de grupos genéticos aditivos visando ao aumento da eficiência de seleção em bovinos de corte / Gerson Antônio de Oliveira Júnior. -- Pirassununga, 2013.
127 f.
Dissertação (Mestrado) -- Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos – Universidade de São Paulo.
Departamento de Medicina Veterinária.
Área de Concentração: Qualidade e Produtividade Animal.
Orientador: Prof. Dr. Joanir Pereira Eler.

1. Reprodutores múltiplos 2. Valores genéticos 3. Paternidade desconhecida 4. Correlações. I. Título.

DEDICATÓRIA

Dedico o trabalho a toda minha família e amigos que sempre me apoiaram nos momentos difíceis e me deram forças para continuar.

A meu pai Gerson Antônio de Oliveira Baesse, minha mãe Maria Zélia Borges de Oliveira e meu irmão Régis Borges de Oliveira, por todo amor, paciência e companheirismo que sempre tiveram comigo, sempre apoiando e incentivando meus estudos.

Agradecimentos

Agradeço e ofereço todo o esforço que foi dedicado a esse trabalho de dissertação a todos que me apoiaram e estiveram sempre comigo.

A Deus, por me proporcionar a vida que tenho.

A minha família que é e sempre será a razão de todas minhas conquistas.

Ao orientador Prof. Dr. Joanir Pereira Eler que me recebeu de braços abertos e me guiou com muita autoridade, compartilhando conhecimentos e experiências de vida.

Ao Prof. Dr. Gerson Barreto Mourão por me acolher e se tornar meu segundo orientador.

Ao Prof. Dr. José Bento Sterman Ferraz por toda colaboração e orientação.

Ao Prof. Dr. Júlio Cesar de Carvalho Balieiro pelos ensinos transmitidos, sendo como um orientador para mim.

Ao Prof. Dr. César Gonçalves de Lima e a Prof[a]. Dra. Rachel Santos Bueno por todo apoio e ensinamentos.

A Prof[a]. Dra. Fernanda Rezende pelo compartilhamento de conhecimentos.

A Elisângela Chicaroni de Mattos Oliveira por sempre me socorrer e me ajudar com os programas de análises.

Ao Prof. Dr. Robson Carlos Antunes que me aconselhou, me instruiu e me guiou para a pós-graduação.

Aos meus amigos do Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia (GMAB) da FZEA/USP: Priscila, Mirele, Marina, Victor (Preto), Cristiane (Cris), Isabela, Miguel, Bárbara, por todo o apoio concedido.

Todo pessoal do grupo de melhoramento genético animal (G∑²ma) da Esalq/USP: Johanna, Gregori, Prof. Tiago, João, Aline, Fabiane, Gilson, Mary, Mayara, Simone, que me acolheram e me fizeram parte do grupo e, em especial, a doutoranda Juliana Petrini, que dividiu todo seu conhecimento sobre o assunto estudado.

A agência de fomento CAPES pela concessão da bolsa de mestrado.

"A percepção do desconhecido é a mais fascinante das experiências. O homem que não tem os olhos abertos para o misterioso passará pela vida sem ver nada."
Albert Einstein

"Para onde quer que fores, vai todo, leva junto teu coração."
Confúcio

RESUMO

OLIVEIRA JUNIOR, G. A. **Estudo de diferentes estruturas de grupos genéticos aditivos visando o aumento da eficiência de seleção em bovinos de corte.** 2013. 127 f. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimento, Universidade de São Paulo, 2013.

A estratégia de criação de grupos genéticos aditivos é uma técnica que permite que animais de paternidade desconhecida tenham seus valores genéticos preditos de forma mais adequada quando incluídos em programas de melhoramento genético. O modo como esses grupos são formados é ainda arbitrário, o que torna importante o estudo de metodologias de formação de grupos genéticos aditivos (GG) visando a uma estrutura apropriada para as avaliações dos rebanhos em programas de melhoramento genético animal. O objetivo do trabalho foi definir a estrutura de grupo genético adequada às avaliações genéticas, comparando-as em relação às mudanças efetivas na eficiência do processo seletivo dos animais com paternidade desconhecida. As características estudadas foram: peso ao desmame, peso ao sobreano, ganho de peso pós-desmama, perímetro escrotal ao sobreano e escore visual de musculosidade ao sobreano. Três cenários foram simulados a partir de um banco de dados composto apenas por animais com pedigree completo (grupo controle). O primeiro teve 30% dos animais com identificação de pai apagada, o segundo 50% e um terceiro com 70%. As estratégias de formação de GG foram: a fazenda de nascimento do animal com paternidade desconhecida; o ano de nascimento (SAFRA) e a concatenação de ano de nascimento e fazenda de nascimento (FAZSAFRA). Os componentes de variância foram calculados para o banco controle pelo software VCE e os valores genéticos foram preditos pelo software PEST, utilizando duas estruturas de modelo animal que se diferenciaram pela inclusão ou não do efeito fixo de GG. A definição da estrutura de grupo genético aditivo adequado à avaliação genética dos animais foi baseada na eficiência de seleção e na comparação entre os valores genéticos preditos quanto aos seus valores absolutos e quanto à classificação dos animais, sendo que animais do grupo controle foram assumidos como tendo o máximo em resposta à seleção genética. Os resultados demonstraram que os grupos genéticos aditivos proporcionam uma melhora na predição genética dos animais com paternidade desconhecida. As estratégias que proporcionaram valores mais próximos aos do grupo controle foram SAFRA e FAZSAFRA e, mesmo com similaridade de valores, a estratégia SAFRA foi superior na seleção dos melhores animais.

Palavras chave: reprodutores múltiplos; valores genéticos, paternidade desconhecida, correlações

ABSTRACT

OLIVEIRA JUNIOR, G. A. **Study of different additive genetic groups structures in order to increase the efficiency of genetic selection in beef cattle.** 2013**.** 127 f. M.Sc. Dissertation – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimento, Universidade de São Paulo, 2013

The structure of genetic groups is a technique that allows that animals with unknown paternity be included in breeding programs. The ways these groups are formed are still arbitrary, which makes it important to study formation methodologies of genetic groups aiming an appropriate framework for the evaluation of livestock in animal breeding programs. Therefore, the aim of this study was to define the structure of genetic group suited to genetic evaluations, comparing them regarding changes in the effective efficiency of the process of animals with unknown parentage. The characteristics studied were: weaning weight, post-weaning weight, post-weaning weight gain, scrotal circumference at 18 months of age and visual muscularity score at 18 months of age. Three scenarios were simulated from a database consisting only of complete pedigree animals (control group). The first had 30% of animals with identification of father off, the second with 50% and a third with 70%. The training strategies additive genetic groups were: the farm of birth of the animal with unknown parentage; birth year (SAFRA) and the concatenation of year of birth and birth farm (FAZSAFRA). The variance components were calculated for the data bank control program by VCE and breeding values were predicted using PEST software, with two structures of animal models that differ by the inclusion or not of the fixed effect of additive genetic group. The definition of the structure of genetic group suitable for genetic evaluation of animals was based on the efficiency of selection and comparison of estimated breeding values to the “control” breeding values and the classification of animals, while control animals were assumed to have the maximum response to selection whereas the choice of any other group of animals results in a reduction thereof. The results demonstrated that the additives genetic groups provide an improvement in the genetic prediction of animals with unknown paternity. Strategies that provided values closer to those of the control group were SAFRA and FAZSAFRA and even with similarity values, strategy SAFRA was superior in selecting the best animals.

Keywords: multiple sire; breeding values; unknown paternity; correlation

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 Mensuração de perímetro escrotal com fita métrica. Fonte (Lôbo R. B., 2001) 35

Figura 2 Representação esquemática das proporções que devem ser analisadas em conformação (E), precocidade (P) e musculosidade (M). Fonte (Koury Filho, 2005) 36

Figura 3 Número de animais com pais conhecidos, pais desconhecidos e total de animais por safra 49

Figura 4 Porcentagem de animais com pai desconhecido por safra 49

Figura 5 Tendência genética para a característica peso ao desmame (PESDES) 58

Figura 6 Tendência genética para a característica de ganho de peso pós-desmame em 345 dias (GPSOB) 58

Figura 7 Tendência genética para a característica peso aos dezoito meses de idade (PSOB) 59

Figura 8 Tendência genética para a característica perímetro escrotal aos dezoito meses de idade (PE18) 59

Figura 9 Tendência genética para a característica escore de musculosidade aos dezoito meses de idade (MUSC18) 60

Figura 10 Gráficos de dispersão entre o valore genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 30% dos animais com paternidade desconhecida 71

Figura 11 Gráficos de dispersão entre o valore genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 50% dos animais com paternidade desconhecida 72

Figura 12 Gráficos de dispersão entre o valore genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 70% dos animais com paternidade desconhecida 72

Figura 13 Gráficos de dispersão entre o valore genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 30% dos animais com paternidade desconhecida 84

Figura 14 Gráficos de dispersão entre o valore genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 50% dos animais com paternidade desconhecida..... 84
Figura 15 Gráficos de dispersão entre o valore genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 70% dos animais com paternidade desconhecida..... 85
Figura 16 Gráficos de dispersão entre o valore genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 30% dos animais com paternidade desconhecida..... 96
Figura 17 Gráficos de dispersão entre o valore genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 50% dos animais com paternidade desconhecida..... 96
Figura 18 Gráficos de dispersão entre o valore genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 70% dos animais com paternidade desconhecida..... 97
Figura 19 Gráficos de dispersão entre o valore genético controle e os preditos s com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 30% dos animais com paternidade desconhecida..... 108
Figura 20 Gráficos de dispersão entre o valore genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 50% dos animais com paternidade desconhecida..... 108
Figura 21 Gráficos de dispersão entre o valore genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 70% dos animais com paternidade desconhecida..... 109
Figura 22 Gráficos de dispersão entre o valore genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 30% dos animais com paternidade desconhecida..... 120
Figura 23 Gráficos de dispersão entre o valore genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 50% dos animais com paternidade desconhecida..... 120
Figura 24 Gráficos de dispersão entre o valore genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 70% dos animais com paternidade desconhecida..... 121

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 Estatísticas descritivas das características de peso ao desmame (PESDES), ganho de peso pós-desmame em 345 dias (GPSOB), perímetro escrotal aos dezoito meses de idade (PE18) e escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade (MUSC18) ---------- 47

Tabela 2 Número de animais com paternidade desconhecida após sorteio de 30 (GG30), 50 (GG50) e 70% (GG70) do total de indivíduos do banco --- 49

Tabela 3 Descrição dos modelos de análise das características de peso ao desmame (PESDES), ganho de peso pós-desmama em 345 dias (GPSOB), peso ao sobreano (PSOB), escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade (MUSC18) e perímetro escrotal ao sobreano (PE18) ---------- 52

Tabela 4 Componentes de variâncias e coeficiente de herdabilidade para peso ao desmame (PESDES), peso aos dezoito meses de idade (PSOB), ganho de peso pós-desmame em 345 dias (GPSOB), perímetro escrotal aos dezoito meses de idade (PE18) e escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade ---------- 56

Tabela 5 Ganho genético anual estimado para peso ao desmame (PESDES), peso aos dezoito meses de idade (PSOB), ganho de peso pós-desmame em 345 dias (GPSOB), perímetro escrotal aos dezoito meses de idade (PE18) e escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade (MUSC18) ---------- 57

Tabela 6 Número de grupos formados (N), média (M), mínimo (MIN) e máximo (MAX) de indivíduos por estratégia de agrupamento, considerando os cenários de 30, 50 e 70 % dos animais com paternidade desconhecida para a característica peso ao desmame ---------- 62

Tabela 7 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos pela análise genética com ou sem grupos genéticos para peso ao desmame, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida ---------- 63

Tabela 8 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos pela análise genética com ou sem grupos genéticos para peso ao desmame, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida---------- 64

Tabela 9 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos para indivíduos da última safra – 2009 – na análise genética com ou sem grupos genéticos para peso ao desmame, considerando 30, 50 e 70 % com paternidade desconhecida ---------- 65

Tabela 10 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos para indivíduos da última safra – 2009 – na análise genética com ou sem grupos genéticos para peso ao desmame, considerando 30, 50 e 70 % dos animais com paternidade desconhecida ---------- 66

Tabela 11 Valor médio (M), desvio padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência na seleção de 10, 20 e 50% dos melhores animais para a característica peso ao desmame, considerando trinta (GG30), cinquenta (GG50) e setenta (GG70) por cento dos animais com paternidade desconhecida---------- 67

Tabela 12 Valor médio (M), desvio padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais da última safra – 2009 –, para a característica peso ao desmame, considerando 30 (GG30), 50 (GG50) e 70 (GG70) % dos animais com paternidade desconhecida---------- 68

Tabela 13 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) relacionado ao coeficiente de regressão linear simples dos valores genéticos preditos pelo modelo (2) considerando 30, 50 ou 70% dos animais com pais desconhecidos, em função dos valores obtidos pelo modelo com pais conhecidos (1), para a característica peso ao desmame ---------- 69

Tabela 14 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN), máximo (MAX) e correlação de Spearman (CORR) dos valores genéticos aditivo, referentes aos animais que perderam informação de pai para a característica de peso ao desmame ---------- 70

Tabela 15 Acurácia média (desvio padrão) dos valores genéticos preditos para todos os animais (GE), touros (TO), animais da última safra (2009, US) e vacas (VA), considerando as análises controle e com a inclusão de grupos genéticos com 30, 50 ou 70% dos animais com paternidade desconhecida para a característica peso ao desmame ---------- 74

Tabela 16 Número de grupos formados (N), média (M), mínimo (MIN) e máximo (MAX) de indivíduos por estratégia de agrupamento, considerando os cenários de 30, 50 e 70 % dos animais com paternidade desconhecida para a característica peso aos dezoito meses de idade---------- 75

Tabela 17 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos pela análise genética com ou sem grupos genéticos para peso aos dezoito meses de idade, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida---------- 76

Tabela 18 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos pela análise genética com ou sem grupos genéticos para peso aos dezoito meses de idade, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida---------- 77

Tabela 19 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos para indivíduos da última safra – 2009 – na análise genética com ou sem grupos genéticos para peso aos dezoito meses de idade, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida ---------- 78

Tabela 20 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos para indivíduos da última safra – 2009 – na análise genética com ou sem grupos genéticos para peso aos dezoito meses de idade, considerando 30, 50 ou 70% dos animais com paternidade desconhecida---------- 79

Tabela 21 Valor médio (M), desvio padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos 10, 20 e 50% melhores animais para a característica peso aos dezoito meses de idade, considerando trinta (GG30), 50 (GG50) e 70% (GG70) dos animais com paternidade desconhecida---------- 80

Tabela 22 Valor médio (M), desvio padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos 10, 20 e 50% melhores animais da última safra – 2009 –, para a característica peso aos dezoito meses de idade, considerando trinta (GG30), 50 (GG50) e 70% (GG70) dos animais com paternidade desconhecida ---------- 81

Tabela 23 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) relacionado ao coeficiente de regressão linear simples dos valores genéticos preditos pelo modelo (2) considerando 30, 50 ou 70% dos animais com pais desconhecidos, em função dos valores obtidos pelo modelo com pais conhecidos (1), para a característica peso aos dezoito meses de idade ---------- 82

Tabela 24 Valor médio (M), mínimo (MIN), máximo (MAX) e desvio padrão (DP) e correlação de Spearman (CORR) dos valores genéticos, referentes aos animais que perderam informação de pai (30, 50 e 70%) para a característica de peso aos dezoito meses de idade ---------- 83

Tabela 25 Acurácia média (desvio padrão) dos valores genéticos preditos para todos os animais (GE), touros (TO), animais da última safra (2009, US) e vacas (VA), considerando as análises controle e com a inclusão de grupos genéticos com 30, 50 ou 70% dos animais com paternidade desconhecida para a característica peso aos dezoito meses ---------- 86

Tabela 26 Número de grupos formados (N), média (M), mínimo (MIN) e máximo (MAX) de indivíduos por estratégia de agrupamento, considerando os cenários de 30, 50 e 70 % dos animais com paternidade desconhecida para a característica ganho de peso pós-desmame em 345 dias------- 87

Tabela 27 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos pela análise genética com ou sem grupos genéticos para ganho de peso pós-desmame em 345 dias, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida ---------- 88

Tabela 28 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos pela análise genética com ou sem grupos genéticos para ganho de peso pós-desmame em 345 dias, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida ---------- 89

Tabela 29 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos para indivíduos da última safra – 2009 – na análise genética com e sem grupos genéticos para ganho de peso pós-desmame em 345 dias, considerando 30, 50 ou 70% dos animais com paternidade desconhecida ---------- 90

Tabela 30 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos para indivíduos da última safra – 2009 – na análise genética com ou sem grupos genéticos para ganho de peso pós-desmame em 345 dias, considerando 30, 50 ou 70% dos animais com paternidade desconhecida ---------- 91

Tabela 31 Valor médio (M), desvio padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos 10, 20 e 50% melhores animais para a característica: ganho de peso pós-desmame em 345 dias, considerando 30 (GG30), 50 (GG50) e 70% (GG70) dos animais com paternidade desconhecida---------- 92

Tabela 32 Valor médio (M), desvio padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos 10, 20 e 50% melhores animais da última safra – 2009 –, para a característica: ganho de peso pós-desmame em 345 dias, considerando 30 (GG30), 50 (GG50) e 70% (GG70) dos animais com paternidade desconhecida ---------- 93

Tabela 33 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) relacionado ao coeficiente de regressão linear simples dos valores genéticos preditos pelo modelo (2) considerando 30, 50 ou 70% dos animais com pais desconhecidos, em função dos valores obtidos pelo modelo com pais conhecidos (1), para a característica de ganho de peso pós-desmame em 365 dias ---------- 94

Tabela 34 Valor médio (M), mínimo (MIN), máximo (MAX) e desvio padrão (DP) e correlação de Spearman (CORR) dos valores genéticos preditos, referentes aos animais que perderam informação de pai (30, 50 e 70%) para a característica de ganho de peso pós-desmame em 345 dias -- 95

Tabela 35 Acurácia média (desvio padrão) dos valores genéticos preditos para todos os animais (GE), touros (TO), animais da última safra (2009, US) e vacas (VA), considerando as análises controle e com a inclusão de grupos genéticos com 30, 50 ou 70% dos animais com paternidade desconhecida para a característica ganho de peso pós-desmame em 345 dias ---------- 98

Tabela 36 Número de animais (N), mínimo (MÍN), máximo (MÁX) e média de indivíduos por estratégia de agrupamento, considerando 30, 50 e 70 % dos animais com paternidade desconhecida para a característica perímetro escrotal aos dezoito meses de idade ---------- 99

Tabela 37 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos pela análise genética com ou sem grupos genéticos para perímetro escrotal aos dezoito meses de idade, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida ---------- 100

Tabela 38 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos pela análise genética com ou sem grupos genéticos para perímetro escrotal aos dezoito meses de idade, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida ---------- 101

Tabela 39 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos para indivíduos da última safra –2009 – na análise genética com ou sem grupos genéticos para perímetro escrotal aos dezoito meses de idade, considerando 30, 50, 70% dos animais com paternidade desconhecida ---------- 102

Tabela 40 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos para indivíduos da última safra – 2009 – na análise genética com ou sem grupos genéticos para perímetro escrotal aos dezoito meses de idade, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida ---------- 103

Tabela 41 Valor médio (M), desvio padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos 10, 20 e 50% melhores animais para a característica: perímetro escrotal aos dezoito meses de idade, considerando 30 (GG30), 50 (GG50) e 70% (GG70) por cento dos animais com genealogia desconhecida ---------- 104

Tabela 42 Valor médio (M), desvio padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos 10, 20 e 50% melhores animais da última safra – 2009 –, para a característica perímetro escrotal aos dezoito meses de idade, considerando 30 (GG30), 50 (GG50) e 70% (GG70) dos animais com paternidade desconhecida ---------- 105

Tabela 43 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) relacionado ao coeficiente de regressão linear simples dos valores genéticos preditos pelo modelo (2) considerando 30, 50 ou 70% dos animais com pais desconhecidos, em função dos valores obtidos pelo modelo com pais conhecidos (1), para a característica perímetro escrotal aos dezoito meses de idade ---------- 106

Tabela 44 Valor médio (M), mínimo (MIN), máximo (MAX) e desvio padrão (DP) e correlação de Spearman (CORR) dos valores genéticos aditivo, referentes aos animais que perderam informação de pai (30, 50 e 70%) para a característica de perímetro escrotal aos dezoito meses de idade ---------- 107

Tabela 45 Acurácia média (desvio padrão) dos valores genéticos preditos para todos os animais (GE), para touros (TO), animais da última safra (2009, US) e vacas (VA), considerando as análises controle e com a inclusão de grupos genéticos com 30, 50 ou 70% dos animais com paternidade desconhecida para a característica perímetro escrotal aos dezoito meses de idade ---------- 110

Tabela 46 Número de grupos formados (N), média (M), mínimo (MIN) e máximo (MAX) de indivíduos por estratégia de agrupamento, considerando os cenários de 30, 50 e 70 % dos animais com paternidade desconhecida para a característica escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade ---------- 111
Tabela 47 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos pela análise genética com ou sem grupos genéticos para escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida ---------- 112
Tabela 48 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos pela análise genética com ou sem grupos genéticos para escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade, considerando 30, 50 e 70% de paternidade desconhecida---------- 113
Tabela 49 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos para indivíduos da última safra – 2009 – na análise genética com ou sem grupos genéticos para escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida---------- 114
Tabela 50 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos para indivíduos da última safra – 2009 – na análise genética com ou sem grupos genéticos para escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida---------- 115
Tabela 51 Valor médio (M), desvio padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos 10, 20 e 50% melhores animais para a característica: escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade, considerando 30 (GG30), 50 (GG50) e 70% (GG70) dos animais com paternidade desconhecida ---------- 116

Tabela 52 Valor médio (M), desvio padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos 10, 20 e 50% melhores animais da última safra – 2009 –, para a característica: escore de musculosidade aos dezoito meses, considerando 30 (GG30), 50 (GG50) e 70% dos animais com paternidade desconhecida---------- 117

Tabela 53 Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) relacionado ao coeficiente de regressão linear simples dos valores genéticos preditos pelo modelo (2) considerando 30, 50 ou 70% dos animais com pais desconhecidos, em função dos valores obtidos pelo modelo com pais conhecidos (1), para a característica escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade ---------- 118

Tabela 54 Valor médio (M), mínimo (MIN), máximo (MAX) e desvio padrão (DP) e correlação de Spearman (CORR) dos valores genéticos aditivo, referentes aos animais que perderam informação de pai (30, 50 e 70%) para a característica de escore de musculosidade aos dezoito meses de idade ---------- 119

Tabela 55 Acurácia média (desvio padrão) dos valores genéticos preditos para todos os animais (GE), touros (TO), animais da última safra (2009, US) e vacas (VA), considerando as análises controle e com a inclusão de grupos genéticos com 30, 50 ou 70% dos animais com paternidade desconhecida para a característica escore de musculosidade aos dezoito meses de idade ---------- 122

LISTA DE SIGLAS

ASBIA	Associação Brasileira de Inseminação Artificial
BLUP	Melhor Predição Linear não Viesado (*Best Linear Unbiased Predictor*)
CEPEA	Centro de Estudos Avançados em Economia Aplicada
CV	Componente de Variância
DP	Desvio Padrão
FAZNAS	Fazenda de nascimento do animal
FAZSAFRA	Concatenação de fazenda e safra de nascimento do animal
FZEA	Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos
GC	Grupo de contemporâneos
GG	Grupo Genético
GG30	Grupo Genético formado com 30% dos animais sem paternidade
GG50	Grupo Genético formado com 50% dos animais sem paternidade
GG70	Grupo Genético formado com 70% dos animais sem paternidade
GMANDES	Grupo de manejo ao desmame
GMAB	Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologias
GPSOB	Ganho de peso pós-desmame em 345 dias
IA	Inseminação Artificial
IATF	Inseminação Artificial em Tempo Fixo
IPEA	Instituto de Pesquisa Econômica Aplicada
M	Valor médio
MAX	Valor máximo encontrado
MIN	Valor mínimo encontrado
MN	Monta natural
N	Número de indivíduos
MUSC18	Escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade
PESDES	Peso ao desmame
PSOB	Peso ao sobreano
PE18	Perímetro escrotal aos dezoito meses de idade
PEST	Programa utilizado para predizer valores genéticos
REML	Máxima Verossimilhança Restrita (*Restricted Maximum Likelihood*)
RM	Reprodutor múltiplo
SAFRA	Safra referente ao nascimento do animal

SAS	Programa de análises estatísticas (*Statistical Analysis Software*)
TO	Touros
USP	Universidade de São Paulo
VA	Animais do sexo feminino
VCE	Programa utilizado para estimar componentes de variância
ZERO	Ausência de grupo genético

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO 25
2 HIPÓTESES 29
3 OBJETIVOS 31
4 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA 33
4.1 Agronegócio brasileiro 33
4.2 Programas de melhoramento genético 34
4.3 Manejo Reprodutivo 36
4.4 Avaliações genéticas 38
4.5 Estimação dos componentes de variância 39
4.6 Grupos Genéticos Aditivos (GG) 40
5 Material e Métodos 45
5.4 Banco de dados 45
5.1 Simulações de dados e grupos genéticos 48
5.6 Implementação das Análises 50
5.3 Análises comparativas 52
6 Resultados e Discussão 55
6.1 Parâmetros genéticos 55
6.2 Tendência genética e ganho genético anual 56
6.3 Grupos genéticos 60
6.3.1 Peso ao desmame (PESDES) 60
6.3.2 Peso aos sobreano (PSOB) 75
6.3.3 Ganho de peso pós-desmame em 345 dias (GPSOB) 87
6.3.4 Perímetro escrotal ao sobreano (PE18) 99
6.3.5 Escore visual de musculosidade ao sobreano (MUSC18) 111
7.3.5 Conclusão 123

1 INTRODUÇÃO

A bovinocultura de corte brasileira destaca-se pela produção extensiva de animais, especialmente da raça Nelore, que são mantidos em regime de pastagens (MILLEN et al., 2011). Neste sistema, principalmente em grandes rebanhos comerciais, prevalece o uso da monta natural – MN –. Este manejo representa cerca de 90% dos acasalamentos entre bovinos de corte no Brasil, embora esta proporção apresente uma tendência de decréscimo em função do crescimento de aproximadamente 23% ao ano da utilização da técnica de inseminação artificial, em especial devido a forte expansão da Inseminação Artificial em Tempo Fixo (IATF, ASBIA, 2011).

No sistema de MN é comum a utilização de reprodutores múltiplos (RM), em que um grupo de reprodutores é utilizado no acasalamento com um lote de fêmeas, normalmente numa proporção de aproximadamente um reprodutor para 25 a 30 fêmeas. Esse manejo é considerado o mais econômico dentro do sistema de produção. Um problema associado ao manejo de RM é que a paternidade dos bezerros nascidos não pode ser determinada, a menos que se utilize a técnica de genotipagem com utilização de informação molecular (VANKAN; FADDY, 1999; HEYEN et al., 2009).

A Melhor Predição Linear Não Viesada − BLUP[1] − presume que a população base é uma amostra de animais não selecionados com uma distribuição normal de média zero e variância igual à variância genética, requerendo um adequado conhecimento do rebanho onde essas predições serão estudadas (HENDERSON, 1977). Com isso, a ausência de informações referentes à genealogia do animal gera predições viesadas dos valores genéticos assim como da tendência genética (PHOCAS; LALOË, 2004), principalmente para animais com poucas informações de progênies. Esses animais sem registros de pedigree são, normalmente, tratados como animais de paternidade desconhecida e, com isso, analisados como fundadores do rebanho, sendo, em certos casos, até mesmo excluídos da avaliação genética (SAPP et al., 2007; CARDOSO; SHIOTSUKI; TEMPELMAN, 2008). Perez-Enciso e Fernando (1992) afirmam que não inclusão dos animais impactaria de forma negativa na intensidade seletiva.

[1] Best Linear Unbiesed Prediction

Embora a genotipagem seja a técnica mais confiável, ela ainda exige um alto investimento financeiro quando utilizada em grande escala, o que tem inviabilizado seu uso em grandes rebanhos (SAPP et al., 2007).

Os avanços das tecnologias moleculares têm diminuído o custo desse tipo de teste (VAN EENENNAAM et al., 2007), mas, para grandes rebanhos comerciais, ainda é uma alternativa pouco viável. Resta então como alternativa, a utilização da técnica de grupos genéticos aditivos para contornar o problema da falta de informação de paternidade, sem aumentar os custos de produção.

Os grupos genéticos aditivos foram inicialmente desenvolvidos para os animais fundadores da população e representam os efeitos referentes ao parentesco, não contabilizados na análise. Esses grupos são, portanto, atribuídos apenas aos animais cujas informações de parentesco são incompletas. A informação de grupo genético é incluída nas equações de modelo misto, pelo modelo animal (HENDERSON, 1977) e utilizada como substituto do parental nas análises para predição do mérito genético desses animais. Desta forma, o efeito do GG representaria a contribuição genética média que o critério escolhido para suprir a informação de pai ausente teria sobre as progênies que possuem registros de produção (WESTELL et al., 1988). Ou seja, o mérito genético predito do animal seria um valor corrigido em função do GG a que este pertenceria (THERON; KANFER; RAUTENBACH, 2003).

De acordo com Quaas e Pollak (1981), os grupos genéticos são, em geral, formados de forma arbitrária, com base em critérios como: ano de nascimento, data de nascimento, região geográfica e informação de pedigree. Para Quaas (1988), os grupos genéticos devem ser definidos de maneira que poucos grupos sejam formados, evitando que haja confusão entre os grupos de contemporâneos e demais efeitos fixos. Entretanto, a diferença genética entre os animais não deve ser mascarada pelos grupos genéticos, e o emprego de um número pequeno de grupos nas análises pode não modelar adequadamente essa diferença (PEŠKOVIČOVÁ; GROENEVELD; WOLF , 2004).

Igualmente, se estratégias complexas de agrupamento são adotadas, muitos grupos com poucos animais podem ocasionar problemas de predição (QUAAS, 1988; Rodriguez; TORO; SILIÓ, 1996). Apesar de vários estudos analisarem a inclusão dos grupos genéticos na avaliação genética (SULLIVAN, 1995; THERON; KANFER; RAUTENBACH., 2003; PHOCAS; LALOË, 2004), bem como o impacto

das estruturas de grupos genéticos sobre a acurácia e viés dos valores genéticos preditos (FAMULA; POLLAK; VAN VLECK, 1983; CASELLAS; PIEDRAFITA; VARONAL, 2006), não há conhecimento de trabalhos que comparem os efeitos de diferentes estratégias de agrupamento em relação ao processo de seleção de reprodutores.

Visto que não existe um consenso de como tratar o problema de paternidade desconhecida, são indispensáveis estudos que analisem metodologias de formação de grupos aditivos referentes à predição de valores genéticos e eficiência seletiva dos melhores animais, de modo que se determine a estrutura de grupo adequada às avaliações dos rebanhos em programas de melhoramento animal, conduzidos especialmente em dados reais, para se estimar o impacto dessas metodologias nos resultados desses programas.

2 HIPÓTESES

a) A abordagem de grupos genéticos é uma alternativa viável para a inclusão de animais com paternidade desconhecida nas análises genéticas.

b) As estruturas dos grupos genéticos diferem quanto à eficiência no processo seletivo dos animais, sendo adequada à avaliação genética a estratégia de agrupamento baseada no critério de uso do ano ao nascimento como grupo genético.

3 OBJETIVOS

O projeto de dissertação teve como objetivo estudar a formação e estruturação de grupos genéticos como abordagem para a inclusão de animais com paternidade desconhecida nas avaliações genéticas, analisando-a quanto aos seus efeitos sobre a predição dos valores genéticos, eficiência de seleção.

4 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

4.2 Agronegócio brasileiro

O agronegócio tem um importante papel na economia do Brasil, contribuindo, em 2011, com 5,46% para o Produto Interno Bruto – PIB – nacional (IPEADATA, 2012). Dados do IBGE (2012) revelam que 10,4% das pessoas ocupadas estão no setor agrícola[2]. De acordo com dados da CEPEA (2011), o PIB do agronegócio brasileiro fechou o ano de 2011 com crescimento de 5,73% em relação ao ano anterior. Gasques et al. (2010) relataram uma previsão de crescimento nacional para a produção de carne bovina estimado em 2,15% ao ano, entre 2009/2010 a 2019/2020. Para o mesmo período, os autores projetam um aumento no consumo interno de carne bovina em 1,94% ao ano e o aumento das exportações em 3,9%. Dado este cenário otimista de crescimento, a pecuária de corte deverá passar por um intenso dinamismo nos próximos anos (LOURENÇO, 2011).

A produção animal como um todo é dependente de algumas áreas do conhecimento, com destaque para a nutrição, sanidade, melhoramento genético e manejo. Com a melhoria conjunta destes fatores é possível conferir maiores índices produtivos e, com isso, maior rentabilidade à atividade. Analisando a evolução da pecuária no Brasil nas últimas décadas, percebem-se avanços consideráveis nestas áreas ditas como pilares, o que contribuiu para que o Brasil destacasse em posição de destaque entre os maiores produtores de carne do mundo, demonstrando que os ganhos em produtividade são dependentes da adoção de novas tecnologias.

Dados da empresa Scot Consultoria de 2009 mostram que de 1975 a 2007, as áreas de pastagens no Brasil cresceram 4%, enquanto que neste mesmo período, a produção de carne teve um acréscimo de aproximadamente 227%. Tal fato coincidiu com o título de maior exportador de carne bovina dado ao Brasil no período de 2004 a 2010. Hoje o país se encontra na segunda posição, provavelmente devido ao crescimento do consumo interno, que teve um acréscimo de 10 % em relação a 2004, com estimativa de 38,3 kg/pessoa/ano para o ano de 2012 (ANUALPEC, 2012).

O rebanho nacional de bovinos no ano de 2011 estava estimado entre 180 milhões (ANUALPEC, 2012) e 212 milhões de cabeças (IBGE, 2011). Desse total,

[2] O termo agrícola indica o conjunto das atividades agrícolas, pecuária, silvicultura, extração vegetal e pesca.

96% são mantidos em regime de pastagem[3] (ANUALPEC, 2012). A espécie predominante é a *Bos taurus indicus*, com destaque para a raça Nelore, a qual apresenta um material genético bastante difundido no país. Ela se destaca por seu alto potencial produtivo e sua rusticidade e, no Brasil, é essencialmente vista como produtora de carne. Sem dúvida, das raças de origem indiana, é a que mais vem sendo trabalhada dentro do melhoramento genético, enfatizando assim sua importância para o cenário nacional.

4.2 *Programas de melhoramento genético*

Vários programas de melhoramento genético têm sido implementados visando à melhoria da eficiência produtiva tanto da raça Nelore quanto das demais que compõem todo rebanho nacional. Entre os principais programas, encontra-se o Programa de Melhoramento da Agropecuária CFM, em que as características avaliadas são basicamente:

- **Peso ao desmame (PESDES)**: representa o potencial de ganho de peso do bezerro, independentemente da habilidade materna da vaca, ou seja, a ação direta dos genes do próprio animal. O efeito fixo de ambiente permanente da vaca são diferenças fisiológicas entre os animais, sendo tratado como efeito não genético nos modelos de avaliação. O PESDES é uma importante característica principalmente para produtores de bezerros. No Brasil, o desaleitamento dos animais ocorre aproximadamente no sétimo mês de idade e representa, na maioria dos programas de melhoramento genético, a primeira fase de seleção dos animais.
- **Peso pós-desmama ou peso ao sobreano (PSOB):** Característica que expressa o potencial de ganho de peso do animal do nascimento até ao sobreano. Muito importante por apresentar alta correlação com peso de abate, podendo-se, assim, selecionar animais jovens para a engorda.
- **Ganho de peso pós desmama (GPSOB)**: expressa o potencial de ganho de peso no período pós desmama do animal. É uma característica importante por representar o período de terminação do animal e expressar a velocidade de ganho de peso do animal. O GPSOB é uma característica, em princípio,

[3] Animais recebendo menos de 0,5 kg de concentrado/cabeça/dia.

com pouca influência dos efeitos maternos, enquanto que o PSOB, por incluir o PESDES seria mais influenciado por esses efeitos (CARDOSO; CARDELLINO; CAMPOS, 2004).

- **Perímetro escrotal (PE)**: é uma importante característica reprodutiva dos touros, relacionada com a libido de touros jovens e com a produção espermática, influenciando no número de ejaculados férteis (KNIGHTS et al., 1984). Apresenta moderada a alta herdabilidade, sendo encontrado na literatura valores entre 0,32 e 0,57 (ELER et al., 2004; SANTANA et al., 2011; BOLIGON; CARVALHEIRO; ALBUQUERQUE, 2012). Apresenta correlação moderada com a precocidade sexual das fêmeas (MARTINEZ-VELAZQUEZ, 2003; ELER et al., 2004), e é uma característica de fácil mensuração e baixo custo de obtenção. A medição pode ser feita em diferentes idades, principalmente entre os 12 e 18 meses, com auxilio de fita métrica graduada em centímetros, a qual envolve a parte mais larga do saco escrotal (Figura 1).

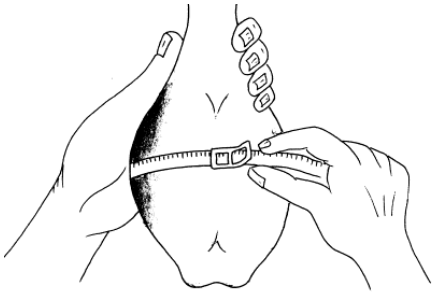

Figura 1 - Mensuração de perímetro escrotal com fita métrica. Fonte (LÔBO, 2001)

- **Conformação, Precocidade e Musculosidade**: são baseadas em escores de avaliação visual que são obtidos nos animais por volta dos dezoito meses de idade. Koury Filho et al. (2009) afirmam que o uso das técnicas de escores visuais como critério de seleção pode corroborar com a seleção de animais mais precoces em terminação e com melhor distribuição muscular, favorecendo a escolha de animais mais adequados para a indústria da carne. A musculosidade representa a porção de músculos presentes na carcaça após a retirada os ossos e partes não comerciais. Animais com musculatura mais volumosa e formato de corpo mais convexo obtêm notas mais altas, variando de seis a um, do desejável para o indesejável (Figura 2). Os escores visuais, apesar de serem características qualitativas, são analisados através

de modelos gaussianos por muitos autores (FORNI; FEDERICI; ALBUQUERUQE, 2007; MELIS et al., 2010; PEDROSA et al., 2010). O Teorema do Limite Central garante que quando considerado uma amostra relativamente grande (n>30), de variáveis aleatórias independentes, com a mesma distribuição de probabilidade, essas podem ser consideradas como tendo distribuição Normal (MAGALHÃES; DE LIMA, 2002).

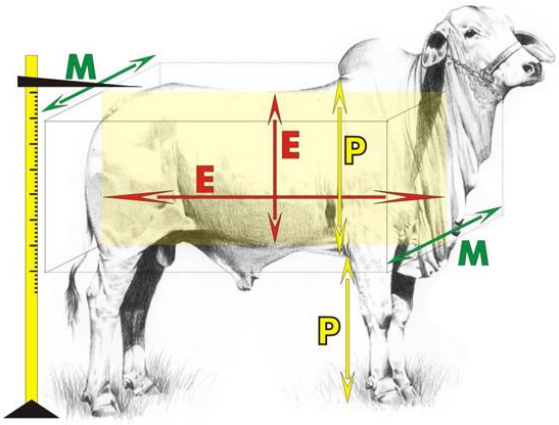

Figura 2 - Representação esquemática das proporções que devem ser analisadas em conformação (E), precocidade (P) e musculosidade (M). Fonte (KOURY FILHO, 2005)

4.4 *Manejo Reprodutivo*

A inseminação artificial – IA – é uma ferramenta extremamente relevante no melhoramento genético animal e, desde a abertura no Brasil das primeiras centrais de inseminação na década de 1970, tem passado por intenso desenvolvimento. De acordo com o relatório da Associação Brasileira de Inseminação Artificial de 2010, a técnica de IA na bovinocultura de corte teve uma evolução de aproximadamente 39% entre os anos 2001 a 2010. Contudo, pouco mais de 10% das fêmeas em idade reprodutiva são inseminadas no Brasil (ASBIA, 2011).

Complementarmente, a técnica de sincronização de ovulação e inseminação artificial em tempo fixo – IATF – surge e consolida-se no mercado visando superar algumas dificuldades encontradas na IA convencional. Com a IATF é possível estimular a ciclicidade das fêmeas em anestro e inseminar todo rebanho sem a necessidade de observar cios, considerados entraves na IA convencional (GONSALVES; DE FIGUEIRÊDO FREITAS, 2002). Hoje, a IATF é considerada uma forte tendência para o desenvolvimento da pecuária nacional e já está sendo amplamente usada em criações extensivas.

Um manejo reprodutivo ainda muito utilizado na pecuária extensiva de vários países (Argentina, Austrália, Brasil e Estados Unidos) é o uso de reprodutores múltiplos (RM). São usados tanto no repasse de fêmeas previamente inseminadas ou quando grandes lotes de fêmeas são formados para reprodução (CARDOSO et al., 2003). Nestas condições é uma técnica necessária para que se tenham índices de prenhes satisfatórios. Neste procedimento, certo número de vacas são expostas a um grupo de touros em uma estação de monta, facilitando manejo e o tornando mais econômico. Sereno (2004) em trabalho desenvolvido com a Embrapa Pantanal, recomenda a relação touro/cava de 1:20, ou seja, um touro para cada vinte fêmeas em reprodução. Já Amaral et al. (2003) concluíram que o investimento em touros geneticamente superiores exige uma maximização do uso destes animais, para que se tornem economicamente viáveis e, portanto, deve-se utilizar uma relação touro/vaca de 1:30.

Amaral et al. (2003) estudaram a importância da escolha do reprodutor dentro do sistema produtivo de gado de corte. Segundo os autores, um touro que permanece ativo por seis estações de monta pode deixar de 100 a 300 crias. Apesar de representar aproximadamente 5% da presença física, o reprodutor pode ser responsável por 90% do ganho genético do rebanho (SILVA; DODE; UNANIAN, 1993.).

Cardoso et al. (2003) concluíram que a formação de grupos de RM com animais geneticamente semelhantes colaboraria com o aumento da produção de animais geneticamente superiores no rebanho. Entretanto, Coulter e Kozub (1989) destacam que a estratégia de RM dificulta a identificação de touros inférteis ou subférteis. Lunstra e Laster (1982), estudando novilhas da raça Angus, observaram que o manejo com RM resulta em uma taxa de prenhes 11% maior ($p<0,05$) que quando um único touro é utilizado.

Com relação ao melhoramento genético, o manejo com RM não é desejável, uma vez que progênies são geradas sem informações precisas de paternidade. Com isso, os animais perdem conexão genética com a população, por não ser possível o cálculo probabilístico de compartilhamento de genes entre os indivíduos. Isso faz com que a predição dos valores genéticos destes animais sem relação genética com o rebanho seja prejudicada (FERRAZ; ELER, 1999), com prejuízos no cálculo das acurácias (PEREZ-ENCISO; FERNANDO, 1992), além de subestimar os valores de herdabilidade (VAN VLECK, 1970). O viés das seleções é proporcional ao número

de animais sem identificação paterna. Adicionalmente, Sapp (2005) relatou que esses animais com informação de pais desconhecidos podem não ser considerados nos programas de melhoramento genético, reduzindo assim a oferta de animais a serem selecionados.

Em 1970, Van Vleck (1970), trabalhando com vacas leiteiras nos Estados Unidos, relatou que pesquisas da época sugeriam que de 30 a 50% das vacas não teriam informação de paternidade precisas.

Uma alternativa para esclarecer a paternidade dos animais seria pela técnica de marcadores moleculares (VANKAN; FADDY, 1999). Sua utilização em maior escala é dependente dos custos tanto para coleta de material quanto para a genotipagem. Para os autores, os laboratórios poderiam oferecer testes de paternidade em que se usaria um menor número de marcadores para aqueles animais em que se sabe quem são os possíveis pais, reduzindo assim o preço por análise.

4.1 *Avaliações genéticas*

O melhoramento genético animal tem como objetivo aumentar a frequência dos alelos favoráveis relacionados com as características de importância econômica. Para isso torna-se necessário o conhecimento do valor genético aditivo dos animais que compõem a população. A estimação desses valores requer informações fenotípicas de todas as fontes possíveis, tais como dados do próprio animal, ancestrais, colaterais e progênies do indivíduo.

Uma combinação de todas as fontes é analisada pelo procedimento desenvolvido por Henderson (1973), intitulado de Modelo Animal. Com ele, quanto maior o número e mais diversificada for a origem das informações maior será a confiabilidade das estimativas. Este modelo tem a propriedade de estimar simultaneamente os efeitos fixos e aleatórios, partindo de equações de modelos mistos. São propriedades do Modelo Animal:

a) Avaliar animais em diferentes rebanhos;
b) Obtenção de valores BLUP (Melhor Predição Linear Não Viesada)
c) Utilizar uma matriz de parentesco completa;
d) Trabalhar com dados desbalanceados;
e) Ajustar para acasalamentos preferenciais;

f) Estimar a tendência genética da população;
g) Usar informações de características correlacionadas;
h) Obter os coeficientes de endogamia para os animais a partir da matriz de parentesco.

Por usar toda a matriz de parentesco é possível estimar o valor genético de um animal sem nenhum registro de produção, associando-o com os valores genéticos de seus parentes, presentes na matriz (HENDERSON, 1977).

Para obtenção dos valores BLUP é necessário estimar os componentes de variância relacionados com os efeitos aleatórios que compões os modelos mistos (HARVILLE, 1977). Uma boa estimativa destes componentes torna-se então requisito básico para a predição dos valores genéticos aditivos dos animais.

A metodologia de modelos mistos pressupõe que a população base seja uma amostra de animais não selecionados, com distribuição normal de média igual a zero e variância igual à variância genética (HENDERSON, 1973). Ainda assim, é desejável um conhecimento completo do pedigree da população, o que é muito difícil, principalmente em rebanho comerciais extensivos (CASELLAS; PIEDRAFITA; VARONA, 2006).

Os modelos mistos são utilizados em concordância com o modelo animal, que foi desenvolvido por Henderson em 1949 e formalmente apresentado em 1973. A técnica tornou-se padrão para avaliações genéticas de animais de produção em praticamente todos os países, graças ao desenvolvimento de tecnologias computacionais que possibilitou trabalhar com matrizes de grande porte. No modelo animal, cada indivíduo tem sua própria equação de predição do valor genético aditivo.

4.5 Estimação dos componentes de variância

A Máxima Verossimilhança Restrita (REML) é considerada o procedimento mais acurado para estimação dos componentes de variância. Trata-se de um método que apresenta boa consistência, eficiência, gera componentes de variância com valores dentro do espaço paramétrico e considera a perda de graus de liberdade referentes aos efeitos fixos incluídos nos modelos. Além disso, não exige dados balanceados e é tolerante a desvios da normalidade (PATTERSON;

THOMPSON, 1971; HARVILLE, 1977). Por se tratar de um método iterativo, as equações demandam grandes recursos computacionais (RESENDE et al., 1996). Porém, com os avanços computacionais e desenvolvimento de programas mais eficientes (GROENEVELD; KOVAC; WANG, 1990; BOLDMAN et al., 1995; MISZTAL, 1998), a metodologia REML tornou-se a principal ferramenta para a estimação dos CV e tem sido amplamente utilizada em melhoramento animal (PIERAMATI; VAN VLECK, 1993; THERON; KANFER; RAUTENBACH, 2003; BOUQUET; RENAND; PHOCAS, 2010).

4.3 *Grupos Genéticos Aditivos (GG)*

O conceito de GG foi introduzido por Henderson em 1949, que trabalhava com características repetidas de vacas leiteiras. Westell et al. (1988) utilizaram o termo “fantasma” para pais imputados no caso de animais sem essa identificação, enfatizando que a predição genética para esses pais “fantasmas” não seria de interesse. O efeito de GG representaria a contribuição genética média que os pais “fantasmas” teriam sobre suas progênies. Para os mesmos autores, os GG seriam utilizados apenas quando não se tem conhecimento de pelo menos um dos pais de um animal. Quanto maior o número de informação na matriz de parentesco, menor seria a necessidade da inclusão dos grupos genéticos no modelo estatístico das análises (POLLAK; QUAAS, 1983). A inclusão do efeito fixo de grupos genéticos aditivos (GG) nos modelos representaria uma alternativa simples para avaliações genéticas de animais com pedigree incompleto (QUAAS, 1988). O estudo de RODRIGUEZ et al. (1996) comprova que a metodologia de GG pode ser implementada tanto por técnicas tradicionais (REML/BLUP) quanto por abordagens Bayesianas.

Perez-Enciso e Fernando (1992) afirmam que animais com paternidade desconhecida podem reduzir da intensidade de seleção quando esses não são considerados nas análises genéticas ou, quando considerados, causam prejuízos na estimação da acurácia dos valores genéticos. Os autores discutem que com a inclusão do efeito fixo de grupo genético aditivo, os resultados perdem a propriedade BLUP, sendo referidos como BLUP-G.

Os animais sem informações de parentesco conhecidas são considerados nas análises genéticas, normalmente, como sendo formadores do rebanho. O nível

genético para esses animais seria o mesmo, independentemente de suas idades e origem geográfica (PHOCAS; LALOË, 2004). Os autores sugerem que a inclusão do efeito fixo de GG poderia ser uma alternativa para contornar o problema da falta de informação no pedigree dos animais, porém, resultaria em predições menos acuradas dos valores genéticos dos animais quando comparado com animais de pais conhecidos. Os grupos devem ser formados por um grande número de animais e deve haver uma conexão genética entre os grupos e melhores resultados são obtidos para valores altos de herdabilidade. Sapp et al. (2007) comentou que a similaridade entre os pais e filho são menos aparentes quando se tem valores de herdabilidade baixos.

Theron et al. (2003), trabalhando com a raça holandesa na África do Sul, concluíram que a inclusão dos GG resultaria em menores valores genéticos para os animais mais velhos do rebanho e maiores valores para os animais mais jovens. Concluem que a inclusão dos GG provocaria mudanças significativas na tendência genética da população, com um nível de viés insignificante.

O efeito de GG tem sido tratado como efeito fixo nos modelos mistos, assumindo que os “pais fantasmas” não são correlacionados e também não são endogâmicos (QUAAS, 1988). Tais condições são difíceis de acontecer na prática, prejudicando a obtenção de resultados BLUP (FOULLEY, GIANOLA; PLANCHENAULT, 1987). Uma maneira de desconsiderar essas premissas seria trabalhar com a probabilidade de um dos touros do lote de acasalamento ser o pai verdadeiro da progênie utilizando a metodologia de matriz de parentesco média proposta por Henderson (1988). Neste caso as avaliações são obtidas sem a introdução do efeito de grupo nos modelos estatísticos. Perez-enciso e Fernando (1992) concluíram que simulações considerando três e dez touros como potenciais pais obtiveram melhor resposta a seleção e resultados com menor viés que quando os GG foram incluídos nas análises.

Cardoso e Tempelman (2004) compararam essa metodologia da matriz de parentesco média com um modelo hierárquico bayesiano proposto pelos mesmos autores em 2003. Concluíram que o modelo Bayesiano seria mais indicado para a predição dos valores genéticos em populações com paternidade desconhecida, desde que a característica de interesse não tenha baixo valor de herdabilidade. No trabalho de Shiotsuki et al. (2012), os autores, que também trabalharam com matriz de parentesco médio e modelos hierárquicos bayesianos, concluíram que a escolha

de um dos modelos não influencia no ranking dos animais a partir dos valores genéticos preditos.

A principal desvantagem da abordagem Bayesiana é a necessidade em se conhecer previamente a distribuição probabilística dos dados (CASELLAS; PIEDRAFITA; VARONA, 2006). Em geral, as herdabilidades das características mais importantes em gado de corte criados em sistema extensivo são baixas. Além disso, o desenvolvimento de “softwares” para essa metodologia é mais complexa do que a simples utilização da estratégia de GG.

Sapp (2005) trabalhou com um método que dispensava o calculo da inversa do matriz de parentesco e utilizava informações fenotípicas dos animais para calcular a probabilidade de um touro ser o verdadeiro pai. O autor (2007) sugeriu que a estratégia de se considerar igual probabilidade a cada touro de um grupo de RM ser o verdadeiro pai, resultaria em valores genéticos mais tendenciosos que quando a probabilidade de paternidade para cada touro foi estimada com base em informações fenotípicas. Ressalta que o poder de discriminação do pai verdadeiro entre possíveis candidatos aumenta com o aumento da herdabilidade da característica.

Já para Sullivan (1995), os prejuízos causados por considerar igual probabilidade de paternidade, ignorar a endogamia e o parentesco entre os potenciais pais seriam mínimos, podendo até serem ignorados. O mesmo autor considera que descartar animais com paternidade desconhecida não é recomendável, principalmente para aqueles que têm informação de mãe conhecida. Essas fêmeas produziriam novas progênies, favorecendo a relação entre meio irmãos maternos. No caso de reprodutores múltiplos em gado de corte, esse descarte seria mesmo impensável, em função do elevado número de animais com pais desconhecidos por safra.

Jorjani et al. (2001) no relatório da Interbull, mostraram que os GG deveriam ser formados com no mínimo 10 a 20 animais. Quaas (1988) mencionou que estratégias de grupos complexas, resultando em poucos animais por grupo, poderiam provocar confundimento entre o efeito fixo de GG com outros efeitos fixos dos modelos.

Para Sullivan (1995), esse confundimento também pode existir mesmo com um grande número de animais por grupo. Uma maneira de atenuar esse problema seria tratar algum desses efeitos fixos como sendo aleatórios (CARDOSO;

TEMPELMAN, 2004). Sullivan e Schaeffer (1994) consideraram vantajoso considerar os GG como efeito aleatório, principalmente quando se tem grupos com poucos animais e características com baixa herdabilidade. Phocas e Laloë (2004) trabalhando com simulações de Monte-Carlo, consideraram que a inclusão dos GG como efeito fixo conduziria a uma predição dos valores genéticos com menor viés que quando os GG fossem tratados como aleatórios ou até ignorados nos modelos estatísticos de predição. Concluem que o viés dos resultados, considerando os GG como efeito fixo, diminui com o aumento da diferença genética entre os grupos.

Tong et al. (1980) estudaram prováveis erros nas avaliações de bovinos leiteiros no Canadá. Os grupos genéticos foram formados por animais com o mesmo ano de nascimento e mesma região geográfica, pois, para os autores, esses critérios representariam as diferenças genéticas entre as diferentes populações. Essa seria a função dos GG, considerar as diferenças dos valores genéticos preditos de touros provenientes de diferentes populações e/ou regiões (FAMULA; POLLAK; VAN VLECK, 1983).

Grupos genéticos aditivos também são de interesse quando se trabalha com reprodutores importados, sem registro de desempenho próprio, e que não são pertencentes ao mesmo rebanho de origem da população de interesse (PEŠKOVIČOVÁ; GROENEVELD; WOLF, 2004). Para os autores, desconsiderar a metodologia de GG quando se tem um considerável volume de animais nas condições acima mencionadas resultaria em uma redução da resposta à seleção. Theron et al. (2003) concluíram que a inclusão dos grupos de “pais fantasmas” nos modelos estatísticos, reduzem o viés da tendência genética.

Embora a inclusão de efeitos de grupos genéticos no modelo de avaliação proporcionem reais mudanças sobre a predição do progresso genético, o uso desta técnica parece não alterar, de forma significativa, a classificação dos animais de acordo com o mérito genético. Theron et al. (2003) observaram que as correlações entre os rankings obtidos com a inclusão e exclusão dos grupos genéticos da análise variaram de 0,88 a 0,95. Da mesma forma, Petrini et al (2013)., que trabalharam com o composto Montana Tropical, afirmaram, com base em altas correlações (maior que 0,70) de ranking dos melhores animais, que os GG podem ser uma alternativa para animais com pedigree incompleto. Além disso, Cantet et al. (1993) não relataram diferenças significativas na estimação dos coeficientes de herdabilidade com ou sem os grupos genéticos em modelos com efeito materno.

Ainda assim, são escassos os trabalhos que analisem os resultados da inclusão desta técnica no modelo visando acurácia das estimativas e predições e impacto nas respostas a seleção, tornando os resultados inconclusivos. Existe ainda, dificuldade em comparar estes estudos visto que existem diferenças entre objetivos e, por consequência, diferentes metodologias.

Ressalta-se então a inexistência de estudos que analisem as estratégias de formação dos grupos genéticos, verificando o efeito de diferentes estruturas de grupo sobre a eficácia do uso desta abordagem nas avaliações genéticas. Deste modo, são indispensáveis trabalhos que fundamentem esta técnica, para que a mesma seja corretamente utilizada em programas de melhoramento animal, permitindo a obtenção de uma resposta máxima de seleção, mesmo quando animais com paternidade desconhecida forem considerados nas análises genéticas.

5 Material e Métodos

5.1 *Banco de dados*

O experimento foi conduzido junto ao Grupo de Melhoramento Genético Animal e Biotecnologia (GMAB) da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo (FZEA/USP), localizado em Pirassununga, São Paulo. Os dados analisados pertencem ao Programa de Melhoramento Genético da Agropecuária CFM, que é desenvolvido junto ao grupo. As informações são referentes a animais da raça Nelore nascidos entre os anos de 1984 e 2009, em quinze fazendas localizadas nos Estados de São Paulo, Mato Grosso do Sul e Goiás. Estas fazendas pertencem à mesma empresa (CFM), tendo as coletas e mensurações das características padronizados. O banco de dados foi formado por 116.368 indivíduos, resultando numa matriz de parentesco com 175.398 animais, dos quais eram 1.768 diferentes touros e 80.928 vacas. Os animais foram mantidos em pastagens de alta qualidade (40% *Brachiaria brizanta*, 50% *Panicum maximum* e 10% outras) recebendo apenas sal mineral como suplementação até os 18 meses de idade.

O manejo reprodutivo utiliza a ferramenta de inseminação artificial e monta natural, utilizando reprodutores múltiplos. Os filhos provenientes deste último manejo são tratados como desconhecidos, dado a incerteza da paternidade.

As informações existentes no banco de dados eram: a identificação dos animais, dos pais, grupos de contemporâneos, fazenda de nascimento, ano de nascimento, peso ao desmame (PESDES, kg); peso ao sobreano mensurado próximo de 18 meses de idade (PSOB, kg); ganho de peso pós-desmama em 345 dias (GPSOB), correspondendo ao ganho da desmama aos 18 meses de idade; perímetro escrotal ao sobreano, próximo dos 18 meses de idade (PE18, cm) e o escore visual de musculosidade ao sobreano (MUSC18); além das idades relacionadas com cada pesagem ou mensuração e a idade da mãe ao parto (IMP).

A característica de ganho de peso pós-desmame foi calculada pela equação:

$$GPSOB = \big((PSOB - PESDES) \div (NDEP)\big) \times 345,$$

na qual $NDEP$ representa o número de dias entre pesagens, sendo resultado da

diferença entre a idade de pesagem de sobreano e a idade do desmame.

Os grupos de contemporâneos (GC) foram formados pela concatenação das informações de fazenda, safra do animal, sexo do animal e lote nas respectivas fases de mensuração. O GC representa grupo de animais que permanecem juntos durante determinado período da vida. O lote dentro de fazenda e safra representa o grupo de manejo.

O banco de dados utilizado nas análises foi previamente editado, desconsiderando os animais:

- com pais e/ou mães desconhecidos ou filhos de RM;
- animais produtos de transferência de embrião;
- com informações fora da amplitude de valores biologicamente aceitáveis;
- pertencentes aos grupos de contemporâneos com menos de vinte animais com mensuração dentro do intervalo proposto;
- pertencentes a grupos de contemporâneos sem variabilidade nos dados de produção;
- filhos de touros com apenas uma progênie;
- sem nenhum dado de produção mensurado;
- com idade de mãe ao parto desconhecida.

Ao final da preparação do banco de dados, todos os animais apresentavam genealogia completa. O número de animais que entraram nas análises genéticas após a preparação do banco de dados, assim como a estatística descritiva das características de interesse do estudo, está demonstrado na Tabela 1. As médias das características ficaram próximas das relatadas por Santana Jr. et al. (2010) que trabalharam com animais também pertencentes ao grupo CFM.

Tabela 1 - Estatísticas descritivas das características de peso ao desmame (PESDES), ganho de peso pós-desmame em 345 dias (GPSOB), perímetro escrotal aos dezoito meses de idade (PE18) e escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade (MUSC18)

Característica	$N_{pré}$	$N_{pós}$	MÉDIA	MIN	MAX	DP
PESDES (Kg)	116.109	108.380	185,6	109,0	261,0	26,77
PSOB (Kg)	94.650	81.675	308,4	186,0	429,0	43,11
GPSOB (kg)	94.381	80.152	115,6	0,1	312,6	31,32
PE18 (cm)	46.437	40.559	27,6	17,5	37,5	3,22
MUSC18 (uni.)	84.422	79.148	3,7	1,0	6,0	0,94

$N_{pré}$= número de animais pré-edição dos dados; $N_{pós}$ = número de animais pós-edição dos dados; MÉDIA = média do valor da característica; MIN = valor mínimo encontrado para a característica; MAX = valor máximo encontrado para a característica; DP = desvio padrão.

5.2 *Simulações de dados e grupos genéticos*

O estudo foi desenvolvido em três principais etapas. Primeiramente, foram obtidas as estimativas de parâmetros genéticos e predições de valores genéticos referentes às características produtivas utilizando o arquivo com animais de genealogia completa. Posteriormente, estas análises foram refeitas simulando que uma determinada proporção desses indivíduos possuíssem informações incompletas acerca de seu parentesco, sendo tais informações substituídas pela inclusão de grupos genéticos nos modelos estatísticos. Foram obtidas estimativas e predições para cada estratégia de estruturação dos grupos genéticos a ser estudada. Por fim, as estruturas de grupos genéticos foram analisadas comparativamente aos resultados obtidos na primeira etapa, avaliando a eficiência da seleção e a classificação dos animais de acordo com os valores genéticos preditos, a fim de se definir a estratégia mais adequada de formação dos grupos genéticos para uso em programas de melhoramento animal.

Ao contrário do proposto por Peskovicová et al. (2004) que consideraram o modelo com grupos genéticos como o correto, o presente estudo considerou os valores genéticos preditos para os animais com genealogia completa como “verdadeiros” (grupo controle), sendo os demais resultados confrontados com estes (CARDOSO; TEMPELMAN, 2004).

Uma análise prévia do histórico de pais desconhecidos por ano de nascimento foi realizada na população para chegar a um cenário mais real do problema abordado (Figura 1 e 2). A partir disso, três cenários foram criados para cada estratégia de agrupamento, onde 30%, 50% e 70% dos indivíduos foram aleatoriamente assumidos como animais com paternidade desconhecida (Tabela 2). Para evitar viés na escolha dos animais que teriam a paternidade perdida, foram realizados 50 sorteios para cada estratégia de grupo em cada porcentagem de pais desconhecidos. Para tal, utilizou-se o procedimento PROC SURVEYSELECT do programa estatístico SAS (SAS 9,2, SAS Institute, Cary, NC, USA), que trabalhou com a metodologia de amostragem simples, dando a cada animal a mesma probabilidade de ser escolhido em cada sorteio.

Tabela 2 - Número de animais com paternidade desconhecida após sorteio de 30 (GG30), 50 (GG50) e 70% (GG70) do total de indivíduos do banco

Abordagem	PESDES	GPSOB	PSOB	MUSC18	PE18
GG30	32.514	24.046	24.503	23.744	12.1689
GG50	54.190	40.121	40.848	39.574	20.280
GG70	75.866	56.170	57.185	55.404	28.392

PESDES = peso ao desmame; GPSOB = ganho de peso pós-desmame em 345 dias; PSOB = peso ao sobreano; MUSC18 = escore de musculosidade aos dezoito meses de idade; PE18 = perímetro escrotal aos dezoito meses de idade.

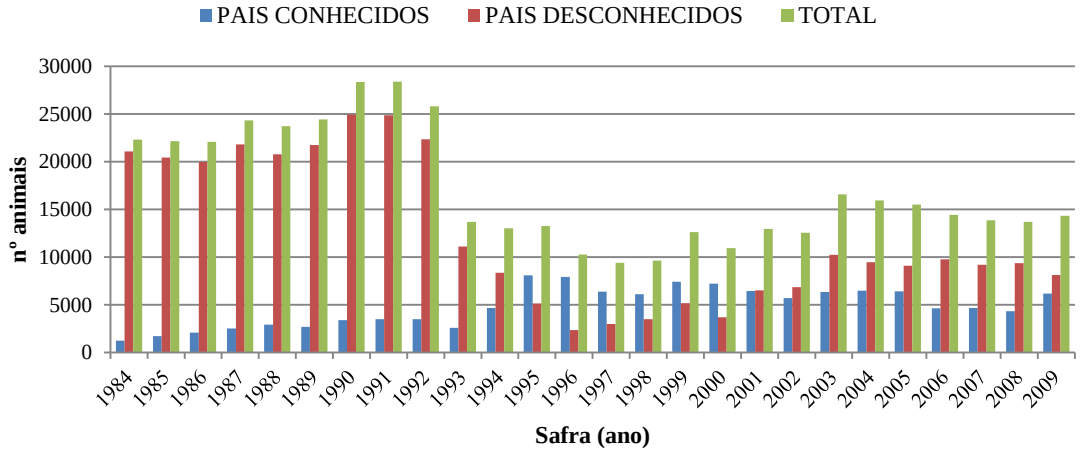

Figura 3 - Número de animais com pais conhecidos, pais desconhecidos e total de animais por safra

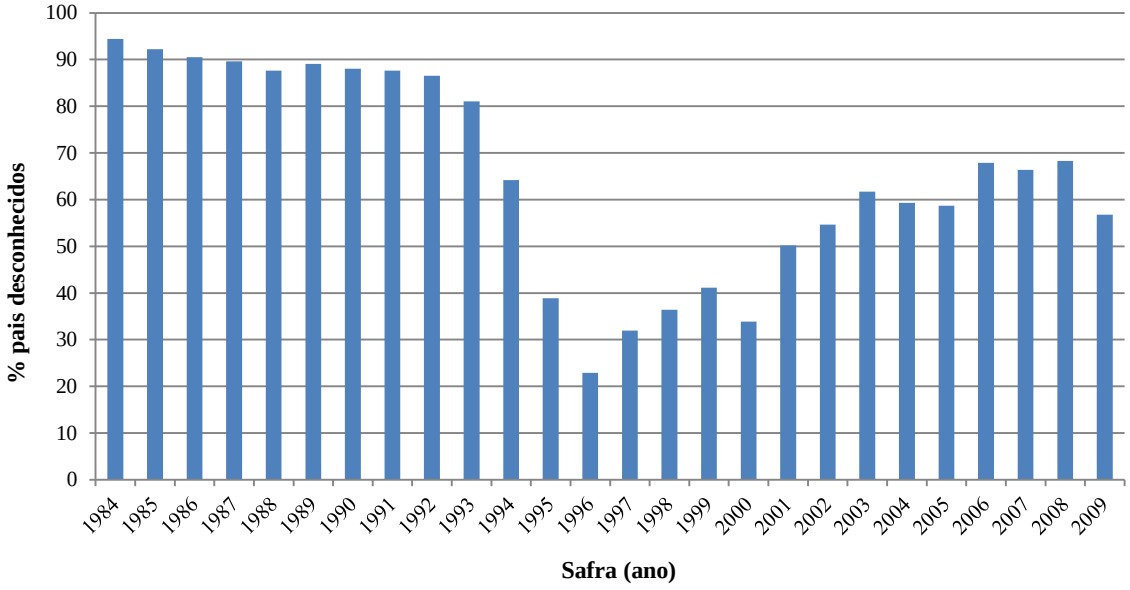

Figura 4 - Porcentagem de animais com pai desconhecido por safra

Quatro estratégias de estrutura dos grupos genéticos foram analisadas, sendo:

I. Safra de nascimento do animal com paternidade desconhecida (SAFRA);
II. Fazenda de nascimento do animal com paternidade desconhecida (FAZNAS);
III. Ano de nascimento e fazenda de nascimento do animal (FAZSAFRA);
IV. Grupo controle negativo, que considerou os animais com pais desconhecidos (ZERO, nenhuma estratégia de grupo foi utilizada).

Para executar as análises genéticas com grupos genéticos incluídos no modelo, não é possível ter animais com identificação desconhecida de pai e/ou mãe (GROENEVELD; KOVAC; WANG, 1990). Com isso, os animais formadores do rebanho foram agrupados em dois diferentes grupos genéticos (GOLDEN; BOURDON; SNELLING 1994).

5.3 *Implementação das Análises*

As análises estatísticas realizadas foram unicaracterística. A análise que incluiu apenas animais com parentesco conhecido foi denominada de “controle”. O modelo estatístico para essa análise pode ser assim escrito:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X\beta} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wm} + \mathbf{Sc} + \mathbf{Td} + \boldsymbol{\varepsilon} \quad , \qquad (1)$$

em que $\mathbf{y}$ é o vetor da variável dependente (GPSOB, por exemplo); $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor dos efeitos fixos, incluindo as covariáveis; $\mathbf{X}$ é a matriz de incidência, associando os elementos de $\boldsymbol{\beta}$ a $\mathbf{y}$; $\mathbf{a}$ é o vetor dos valores genético aditivos direto; $\mathbf{m}$ é o vetor dos valores genéticos aditivos materno; $\mathbf{c}$ é o vetor dos efeitos aleatórios não correlacionados de ambiente permanente materno; $\mathbf{d}$ é o vetor dos efeitos aleatórios não correlacionados de grupo de manejo ao desmame; $\mathbf{Z}$, $\mathbf{W}$, $\mathbf{S}$ e $\mathbf{T}$ representam as matrizes de incidência dos efeitos aleatórios, associando respectivamente os elementos de $\mathbf{a}$, $\mathbf{m}$, $\boldsymbol{c}$ e $\mathbf{d}$ à variável dependente $\mathbf{y}$; $\boldsymbol{\varepsilon}$ o vetor do efeito residual inerente a cada observação. As pressuposições assumidas foram:

$$E[\mathbf{y}] = \mathbf{X\beta} \qquad E\begin{bmatrix}\mathbf{a}\\ \mathbf{m}\\ \mathbf{c}\\ \mathbf{d}\\ \boldsymbol{\varepsilon}\end{bmatrix} = \begin{bmatrix}\mathbf{0}\\ \mathbf{0}\\ \mathbf{0}\\ \mathbf{0}\\ \mathbf{0}\end{bmatrix} \qquad Var\begin{bmatrix}\mathbf{a}\\ \mathbf{m}\\ \mathbf{c}\\ \mathbf{d}\\ \boldsymbol{\varepsilon}\end{bmatrix} = \begin{bmatrix}\mathbf{A}\sigma_{\mathrm{a}}^2 & 0 & 0 & 0 & 0\\ 0 & \mathbf{A}\sigma_m^2 & 0 & 0 & 0\\ 0 & 0 & \mathbf{I}\sigma_c^2 & 0 & 0\\ 0 & 0 & 0 & \mathbf{I}\sigma_d^2 & 0\\ 0 & 0 & 0 & 0 & \mathbf{I}\sigma_\varepsilon^2\end{bmatrix},$$

em que $\boldsymbol{\sigma_a^2}$ representa o componente de variância genético aditivo; $\boldsymbol{\sigma_m^2}$ o componente de variância genético materno; $\boldsymbol{\sigma_c^2}$ o componente de variância de ambiente permanente materno; $\boldsymbol{\sigma_d^2}$ o componente de variância do efeito aleatório de grupo de manejo ao desmame; $\boldsymbol{\sigma_e^2}$ é o componente de variância residual; $\boldsymbol{A}$ representa a matriz de parentesco entre todos os animais participantes do banco e $\boldsymbol{I}$ uma matriz identidade.

O modelo estatístico utilizado na análise genética com a inclusão de grupos genéticos para animais com dados de genealogia incompleta foi:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X\beta} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wm} + \mathbf{Sc} + \mathbf{Td} + \mathbf{Qg} + \boldsymbol{\varepsilon} \ , \qquad (2)$$

em que: $\boldsymbol{g}$ é o vetor de efeitos fixos referentes aos grupos genéticos aditivos e $\boldsymbol{Q}$ é a matriz de incidência correspondente.

Os modelos estatísticos propostos para cada característica estão descritos na Tabela 3. Para a característica de peso ao desmame (PESDES) o parâmetro Td foi excluído do modelo, tendo em vista que o grupo de manejo ao desmame já está incorporado ao grupo de contemporâneo de desmama como efeito fixo.

De acordo com o estudo de Santana et al. (2011), a inclusão do efeito de grupo de manejo ao desmame (GMANDES) no grupo de contemporâneos (GC), para as características pós-desmama, tem como consequência a obtenção de maior número de grupos contemporâneos com menor número de observações por grupo. Podem, assim, ocorrer grupos contemporâneos com número reduzido de animais os quais, por serem de baixa confiabilidade, precisam ser eliminados da avaliação genética.

Assim, para as características pós-desmama, o GMANDES foi incluído no modelo como efeito aleatório não correlacionado, com o intuito de formar GC com maior variabilidade e manter o maior número possível de animais na análise.

Os efeitos genéticos direto e materno foram assumidos como não

correlacionados

Tabela 3 - Descrição dos modelos de análise das características de peso ao desmame (PESDES), ganho de peso pós-desmama em 345 dias (GPSOB), peso ao sobreano (PSOB), escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade (MUSC18) e perímetro escrotal ao sobreano (PE18)

	D	M	GC	GMANDES	IDADE	IMP
PESDES	A	A	F	--	F	F
GPSOB	A	--	F	A	F	F
PSOB	A	--	F	A	F	F
MUSC18	A	--	F	A	F	--
PE18	A	--	F	A	F	F

D = efeito genético aditivo direto; M = efeito genético aditivo materno; GC = grupo de contemporâneos; GMANDES = grupo de manejo ao desmame; IDADE = idade na mensuração ou pesagem do animal; IMP = idade da mãe ao parto, linear e quadrático. A = efeito aleatório; F = efeito fixo; -- = efeito não incluído no modelo.

As estimativas de componentes de variância foram obtidas pelo método der Máxima Verossimilhança Restrita utilizando o pacote computacional VCE-6 (KOVAC; GROENEVELD, 2007). Os valores genéticos aditivos foram preditos com a utilização do programa PEST (GROENEVELD; KOVAC; WANG 1990) utilizando os mesmos modelos da estimação de componentes de variância. Os componentes de variância estimados para o modelo com pais conhecidos (modelo 1) foram utilizados também na predição genética com grupos genéticos aditivos (modelo 2). As tendências genéticas das características foram estimadas como a regressão dos valores genéticos no ano de nascimento do animal. O coeficiente de regressão obtido representa a tendência genética da característica. Essas análises foram implementadas utilizando-se o procedimento PROC REG do software SAS (SAS 9,2, SAS Institute, Cary, NC, USA).

5.4 *Análises comparativas*

A definição da estrutura de grupo genético adequada à avaliação genética dos animais foi baseada na eficiência de seleção, na comparação entre os valores genéticos preditos quanto aos seus valores absolutos e quanto à classificação dos animais. Nestas análises foi assumido que a seleção baseada na predição dos valores genéticos para os animais com dados de genealogia completa, ocasionaria

uma resposta genética máxima (grupo controle), enquanto que a escolha de qualquer uma das quatro estratégias propostas resultaria em uma redução desta resposta.

Assim sendo, a eficiência de seleção – ES − foi calculada de acordo com o modelo proposto por Peskovicová, Groeneveld e Wolf (2004):

$$\mathrm{ES} = 100 \times \frac{\mathrm{média}_{\mathrm{GG_gg}}}{\mathrm{média}_{\mathrm{gg_gg}}}$$

em que $média_{GG_gg}$ é a média dos valores genéticos obtidos pelo modelo (1) para os 10, 20 e 50% melhores animais selecionados de acordo com os valores genéticos preditos pelo modelo (2) para cada estratégia de formação de grupos genéticos estudada; e $média_{gg_gg}$ é a média dos valores genéticos obtidos pelo modelo (1) para os 10, 20 e 50% melhores animais selecionados de acordo com os valores genéticos preditos pelo mesmo modelo (1).

Ainda com vista às mudanças na eficiência no processo seletivo dos reprodutores foi verificada a correlação entre os valores genéticos dos indivíduos obtidos nos diferentes modelos mediante o cálculo dos coeficientes de correlações de Pearson, empregando o procedimento PROC CORR do software estadístico SAS (SAS 9,2, SAS Institute, Cary, NC, USA). Variações no ranking dos animais foram estudadas pela correlação de Spearman usando o mesmo procedimento. Para interpretação dos resultados das correlações foram seguidos os critérios apresentados por Callegari Jacques (2003), sendo:

a) se 0,00 < $\hat{p}$ < 0,30 , existe fraca correlação linear;
b) se 0,30 ≤ $\hat{p}$ < 0,60 , existe moderada correlação linear;
c) se 0,60 ≤ $\hat{p}$ < 0,90 , existe forte correlação linear;
d) se 0,90 ≤ $\hat{p}$ < 1,00 , existe correlação linear muito forte;

em que $\hat{p}$ é o coeficiente de correlação estimado.

Os valores genéticos preditos para os animais pertencentes aos bancos de dados com animais sem informação paterna foram contrastados com os valores genéticos preditos para os animais com genealogia completa, a partir de uma análise de regressão linear feita pelo procedimento PROC REG do software SAS (SAS 9,2, SAS Institute, Cary, NC, USA). A equação pode ser descrita como:

$$y = \mu + \beta x + e$$

em que y é o valor genético predito pelo banco com GG; μ é a média dos valores genéticos para o banco1; β é o coeficiente angular da reta que relaciona x a y; e é o resíduo inerente a cada observação.

Os valores genéticos aditivos daqueles animais que tiveram a informação de pai excluída (Tabela 2) foram comparados com os mesmos animais preservando a paternidade.

Como última análise, o valor da acurácia dos valores genéticos foi calculado de acordo com a equação proposta pelo *Beef Improvement Federation*, dos Estados Unidos da América, a qual varia linearmente com o número de progênies e apresenta resultados mais conservativos. A equação utilizada foi:

$$ACC = 1 - \sqrt{\frac{VEP}{\sigma_a^2}}$$

em que VEP é a variância do erro de predição e σ_a^2 o componente de variância genético aditivo do animal. Os resultados foram usados para comparar a acurácia média de todos os animais, dos touros, dos animais da última safra e apenas das fêmeas.

Dessa forma, a estratégia adequada de formação de grupo genético foi definida como sendo aquela que ocasionou maior eficiência de seleção, maior coeficiente de regressão, com média genética aditiva mais próxima a do “grupo controle”, maiores valores de correlação de Pearson e Spearman e maiores valores médios de acurácia quando comparados às demais estruturas de grupos genéticos estudados.

6 Resultados e Discussão

6.1 Parâmetros genéticos

Os resultados estimados para os componentes de variância – CV – associados aos efeitos aleatórios do modelo estatístico com todos os animais com pedigree completo (modelo 1) estão representados na Tabela 4. Com base nesses CV, os valores genéticos aditivos foram preditos pelo modelo animal, para todos os animais da matriz de parentesco.

O coeficiente de herdabilidade para a característica peso ao desmame (PESDES) está de acordo com os valores encontrados na literatura. Os trabalhos de (DE SOUZA et al., 2005; HORIMOTO et al., 2007; BOLIGON et al., 2010) resultaram em valores de 0,26, 0,28 e 0,28 respectivamente. (MELIS et al., 2010) estimaram um valor mais alto (0,55) que o reportado no presente estudo. Porém, os autores não consideraram os efeitos maternos no modelo.

Boligon et al. (2010) estimaram herdabilidade de 0,30 para a característica peso ao sobreano (PSOB). O resultado está próximo do encontrado no presente estudo, corroborando com outros resultados encontrados na literatura (BERTAZZO et al., 2004; TORAL et al., 2004; SHIOTSUKI et al., 2009).

O ganho de peso pós desmama em 365 dias (GPSOB) teve um coeficiente de herdabilidade de 0,20. Cardoso e Tempelman (2004) trabalhando com modelos hierárquicos Bayesianos com a raça Hereford relataram coeficiente de herdabilidade de 0,23. Na pesquisa, eles consideraram igual probabilidade de cada touro de um lote de reprodutor múltiplo (RM) ser o verdadeiro pai. Boligon et al. (2010) também relataram um valore de 0,23 de coeficiente de herdabilidade para a característica GPSOB, na raça Nelore.

A herdabilidade predita para o perímetro escrotal ao sobreano (PE18) foi 0,48. Horimoto et al. (2007), que também trabalharam com a população Nelore da Agropecuária CFM, estimaram um valor mais alto (0,55) para a herdabilidade. Ainda na população CFM, Santana et al. (2011) e Melis et al. (2010) chegaram a coeficientes de 0,49 e 0,48, respectivamente, confirmando o valor estimado no presente estudo.

O coeficiente de herdabilidade referente ao escore de musculosidade aos dezoito meses de idade (MUSC18) foi de 0,21. O resultado está em concordância

com o estudo de (SHIOTSUKI et al., 2009; MELIS et al., 2010; REGATIERI; BOLIGON; ALBUQUERQUE, 2011), que estimara um valor de 0,23. Regatieri, Boligon e.Albuquerque, (2011) também estimaram um valor muito próximo (0,22) para a os animais Nelore da Agropecuária Jacarezinho. Valores inferiores foram encontrados nos trabalhos de Forni et al. (2007) e Horimoto et al. (2007), sendo 0,12 e 0,16 respectivamente.

Tabela 4 - Componentes de variâncias e coeficiente de herdabilidade para peso ao desmame (PESDES), peso ao sobreano (PSOB), ganho de peso pós-desmame em 345 dias (GPSOB), perímetro escrotal aos dezoito meses de idade (PE18) e escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade

Característica	σ_a^2	σ_m^2	c^2	d^2	σ_e^2	σ_p^2	h_a^2	h_m^2
PESDES (kg)	83,20	24,21	0,16	--	167,41	327,07	0,25	0,07
PSOB (kg)	237,84	--	--	0,07	359,96	645,38	0,37	--
GPSOB (kg)	78,37	--	--	0,15	257,35	397,05	0,20	--
PE18 (cm)	3,41	--	--	0,03	3,40	7,04	0,48	--
MUSC18 (uni.)	0,14	--	--	0,04	0,48	0,64	0,21	--

σ_a^2: variância genética aditiva; σ_m^2: variância genética aditiva materna; σ_c^2: variância permanente de ambiente; σ_d^2: variância de grupo de manejo ao desmame; σ_e^2: variância residual; σ_p^2: variância fenotípica; h_a^2: coeficiente de herdabilidade do efeito genético direto; h_m^2: coeficiente de herdabilidade do efeito genético materno; c^2: variância dos efeitos de ambiente da vaca, dada como proporção da variância fenotípica; d^2: variância dos efeitos de GMANDES, dada como proporção da variância fenotípica.

O componente de variância referente ao efeito de grupo de manejo ao desmame (GMANDES), dado como proporção da variância fenotípica, apresentou valores importantes para as características PSOB e GPSOB. Não houve efeito importante nas demais características. O menor valor foi obtido para PE18 (0,03).

6.2 Tendência genética e ganho genético anual

A tendência genética da população foi obtida para as características de interesse no estudo, enfatizando a importância do programa de melhoramento genético que, no decorrer dos anos, incrementou os alelos favoráveis dentro da população (Figuras 5-9).

O ganho genético anual foi definido como o coeficiente de regressão linear da média do valor genético da população em função do ano de nascimento do animal (safra). Todos os resultados obtidos foram significantemente diferentes de zero

(α=0,01), de acordo com o teste T de *Student* (Tabela 5). Os resultados comprovam a eficiência do programa de seleção genética que vem sendo implementado na população analisada.

Tabela 5 - Ganho genético anual estimado para peso ao desmame (PESDES), peso ao sobreano (PSOB), ganho de peso pós-desmame em 345 dias (GPSOB), perímetro escrotal aos dezoito meses de idade (PE18) e escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade (MUSC18)

Características	**Ganho genético anual**	**Erro padrão**	**P > |t|**
PESDES (kg/ano)	0,495	0,0218	<0,0001
PSOB (kg/ano)	1,140	0,0304	<0,0001
GPSOB (kg/ano)	0,510	0,0252	<0,0001
PE18 (cm/ano)	0,100	0,0047	<0,0001
MUSC18 (uni. /ano)	0,023	0,0009	<0,0001

P > |t|: probabilidade de nulidade do valor com nível de 1% de significância.

A característica de desenvolvimento ponderal com maior progresso genético foi o PSOB (Figura 7), com um ganho genético anual estimado de 1,14 kg/ano. O resultado pode ser reflexo dos maiores valores de herdabilidade e componente de variância fenotípica, estimados para a característica (Tabela 4). O PE18 (Figura 8) e MUSC18 (Figura 9) demonstraram valores de 0,1 cm/ano e 0,023 unidades de escore/ano, respectivamente.

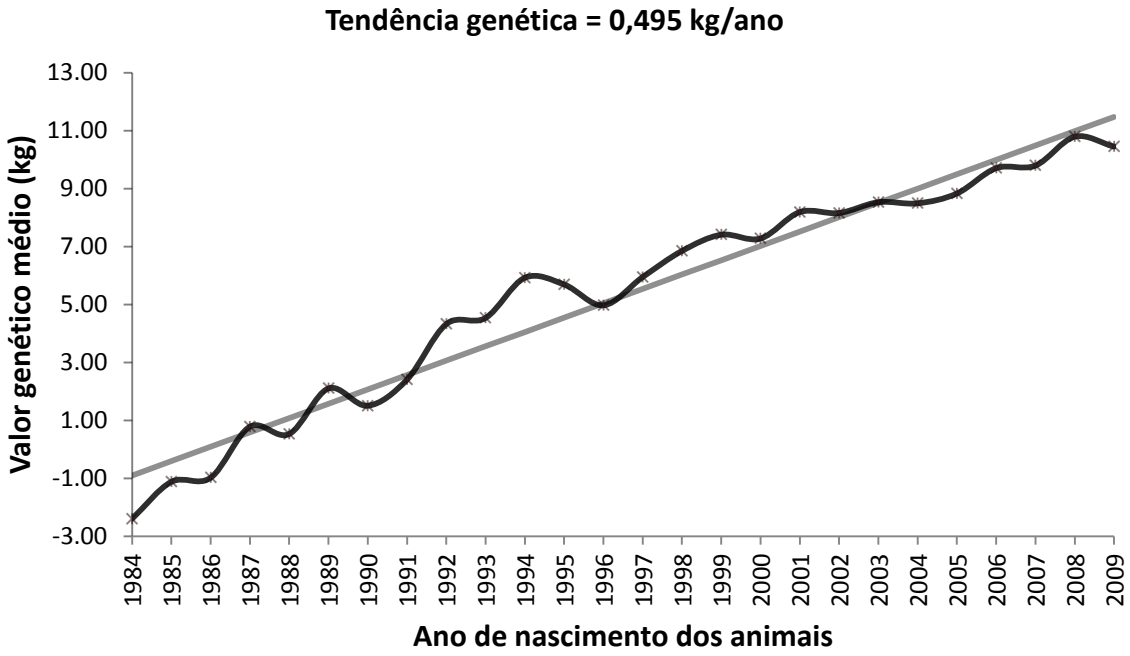

Figura 5 - Tendência genética para a característica peso ao desmame (PESDES)

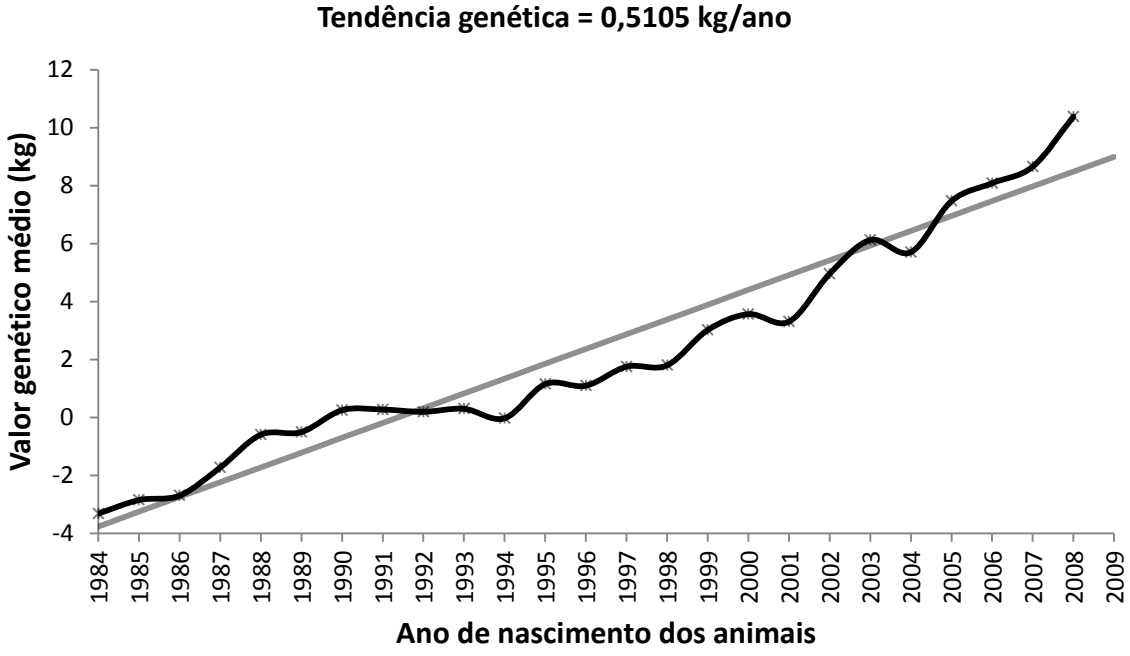

Figura 6 - Tendência genética para a característica de ganho de peso pós-desmame em 345 dias (GPSOB)

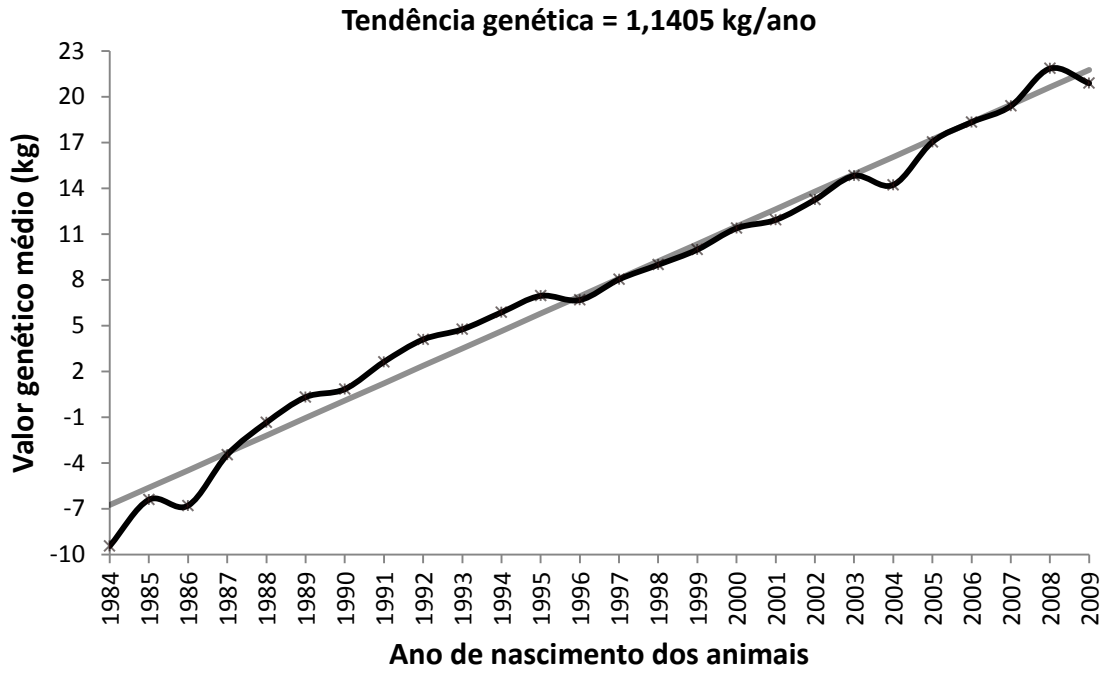

Figura 7 - Tendência genética para a característica peso ao sobreano (PSOB)

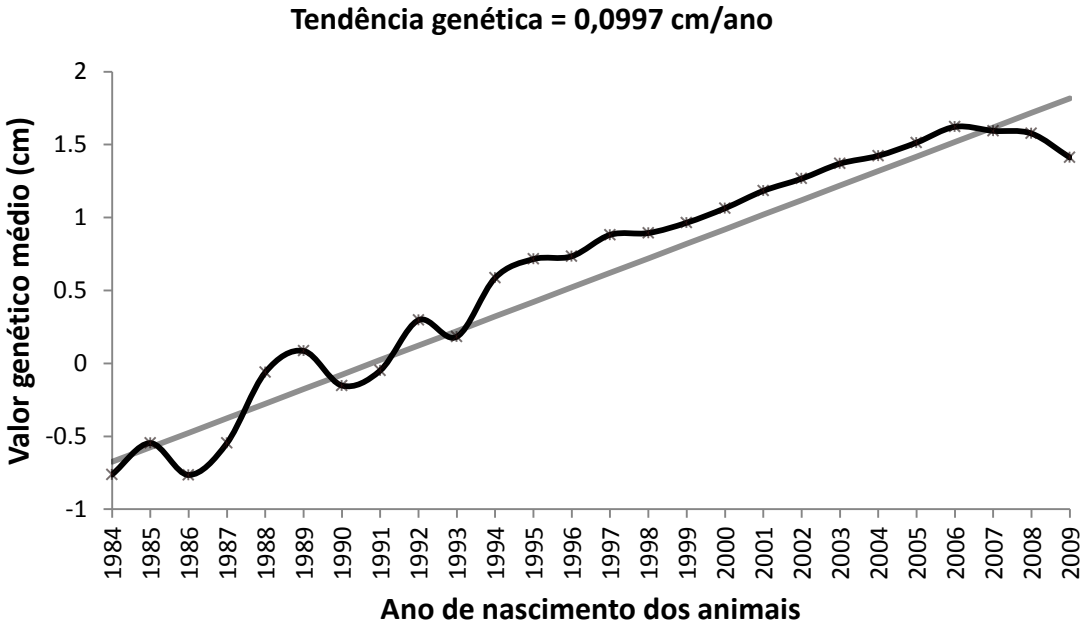

Figura 8 – Tendência genética para a característica perímetro escrotal aos dezoito meses de idade (PE18)

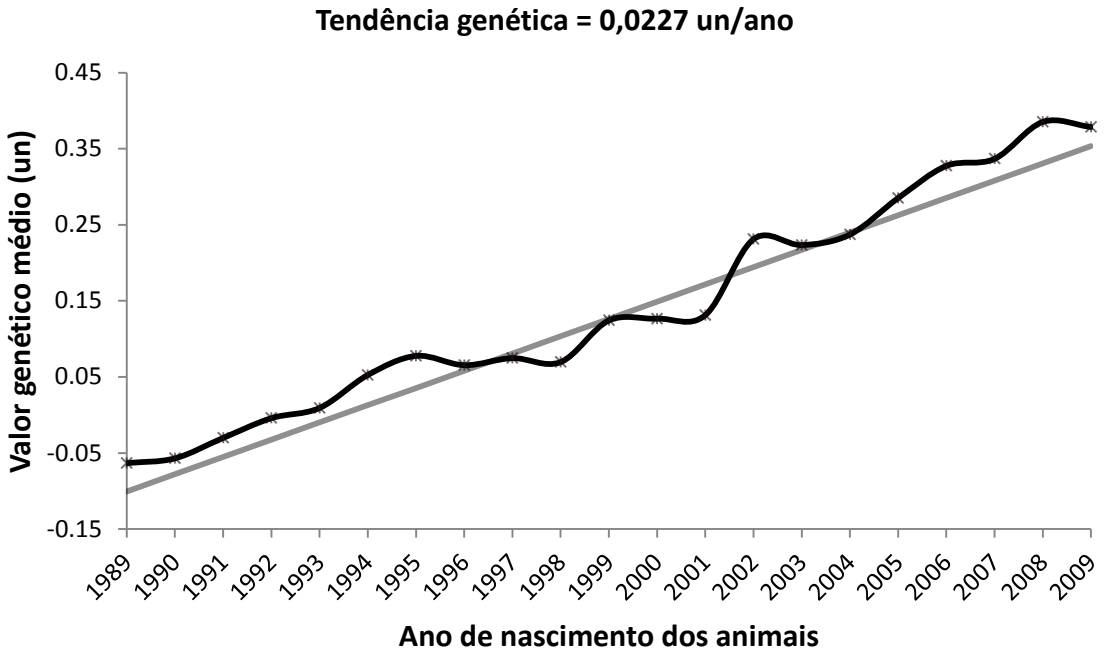

Figura 9 - Tendência genética para a característica escore de musculosidade aos dezoito meses de idade (MUSC18)

6.3 Grupos genéticos aditivos

Os resultados apresentados são referentes a cinquenta diferentes amostragens que foram realizadas com o intuito de minimizar um possível viés na escolha dos animais que teriam a informação de pai apagada.

6.3.1 Peso ao desmame (PESDES)

O número de animais que formam os grupos genéticos aditivos (GG) depende da estratégia de agrupamento utilizada (Tabela 6). O número de grupos formados com o critério de fazenda ao nascimento (FAZNAS) está relacionado com 14 fazendas do grupo CFM que registraram informações da característica. O banco, que possuiu informações dos animais de 1984 até a safra de 2009, formou vinte e seis GG por safras de nascimento. A combinação entre as estratégias de fazenda e safra ao nascimento (FAZSAFRA) gerou 123 estruturas de grupo. Possivelmente, existem fazendas em que algumas safras não reportaram nascimento de animais, conferindo um número menor que todas as possíveis combinações entre fazendas e safras ao nascimento.

A estratégia FAZNAS proporcionou uma maior variação no número de

animais por grupo. O menor grupo formado por esta estratégia foi com cinco animais, considerando 30% dos indivíduos sem identificação paterna. Para o mesmo cenário, foi relatado um grupo com 14.837 animais, demonstrando grande variabilidade entre o número de indivíduos por grupo. Este elevado número de animais pode ser explicado pela concentração de nascimentos em determinadas fazendas. As demais estratégias de grupos genéticos também demonstram grande variação entre o número de animais por grupo, porém em menor intensidade que FAZNAS.

Os grupos formados pela junção fazenda e safra ao nascimento (FAZSAFRA) apresentaram menores números médios de animais. Os valores mínimos e máximos também foram menores para essa estratégia, com resultados inferiores ao limite de 10 a 20 animais por grupo propostos no relatório da Interbull (JORJANI; PHILIPSSON; MOCQUOT, 2001). Tal fato coincide com o maior número de grupos formados, os quais causaram um maior fracionando dos animais, resultando em grupos com menor número de animais. Segundo Quaas (1988), esse tipo de situação, em que muitos grupos são formados poderia gerar confusão entre a estimação dos efeitos fixos.

O ano de nascimento (SAFRA) não reuniu menos que 300 animais por grupo, ou seja, não foram formados pequenos grupos de animais por estratégia.

Tabela 6 - Número de grupos formados (N), média (M), mínimo (MIN) e máximo (MAX) de indivíduos por estratégia de agrupamento, considerando os cenários de 30, 50 e 70 % dos animais com paternidade desconhecida para a característica peso ao desmame

Cenário (%)	Estratégia	N	M	MIN	MAX
30	FAZNAS	14	2.322	5	14.837
	FAZSAFRA	123	264	3	1.059
	SAFRA	26	1.250	302	2.230
50	FAZNAS	14	3.870	15	24.478
	FAZSAFRA	124	437	1	1844
	SAFRA	26	2.084	472	3.775
70	FAZNAS	14	5.419	17	34.228
	FAZSAFRA	124	437	1	1.844
	SAFRA	26	2.918	678	5.221

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra ao nascimento do animal; SAFRA: ano de nascimento do animal.

Os valores genéticos preditos para peso ao desmame com as diferentes estratégias de GG (modelo 2) foram correlacionados com os valores obtidos quando o pedigree era totalmente conhecido (modelo 1). A correlação de Pearson foi utilizada com o intuito de verificar o quanto os valores preditos com grupos se aproximam dos valores “corretos”. Informações de 108.380 animais foram utilizadas para gerar os resultados gerais (Tabelas 7, 8 e 11). As análises referentes aos animais da última safra (2009) contaram com dados de 5.187 indivíduos (Tabelas 9, 10 e 12).

Tabela 7 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos pela análise genética com ou sem grupos genéticos para peso ao desmame, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida

Cenário (%)	Estratégia	Correlações de Pearson			
		M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,91	0,0044	0,90	0,92
	FAZSAFRA	0,95	0,0019	0,95	0,96
	SAFRA	0,96	0,0015	0,95	0,96
	ZERO	0,86	0,0041	0,85	0,87
50	FAZNAS	0,86	0,0071	0,85	0,87
	FAZSAFRA	0,92	0,0033	0,92	0,93
	SAFRA	0,93	0,0023	0,93	0,94
	ZERO	0,80	0,0039	0,80	0,81
70	FAZNAS	0,81	0,0091	0,79	0,83
	FAZSAFRA	0,89	0,0054	0,87	0,90
	SAFRA	0,90	0,0046	0,89	0,91
	ZERO	0,76	0,0027	0,73	0,77

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

As correlações calculadas para as diferentes amostras tiveram valores mínimos e máximos próximos, o que refletiu em um pequeno desvio padrão dos resultados. No geral, todas as estratégias conduziram a estimativas bem próximas dos valores “controles”, com correlações entre fortes e muito fortes. O pior resultado, entre as três possíveis estruturas de grupo, foi para FAZNAS, com correlação de 0,81 quando 70% dos indivíduos com pais desconhecidos. Os resultados sem a inclusão de grupos no modelo (ZERO) foram tabulados para servir como um “controle negativo”, sendo que os animais foram analisados sem a informação de pai. As correlações com ZERO, mesmo consideradas como fortes, foram menores que com qualquer estratégia de agrupamento escolhida. Tal fato pode ser associado ao trabalho de Peškovičová, Groeneveld e Wolf (2004), que concluíram que a resposta à seleção foi prejudicada quando um número significativo de animais com pedigree incompleto foi incluído nas análises genéticas.

Tabela 8 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos pela análise genética com ou sem grupos genéticos para peso ao desmame, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida

Cenário (%)	Estratégia	Correlações de Spearman			
		M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,91	0,0050	0,90	0,92
	FAZSAFRA	0,95	0,0020	0,95	0,96
	SAFRA	0,96	0,0015	0,96	0,96
	ZERO	0,84	0,0047	0,83	0,86
50	FAZNAS	0,86	0,0078	0,84	0,87
	FAZSAFRA	0,93	0,0035	0,92	0,93
	SAFRA	0,93	0,0022	0,93	0,94
	ZERO	0,79	0,0043	0,78	0,80
7**0**	FAZNAS	0,81	0,0101	0,78	0,83
	FAZSAFRA	0,89	0,0055	0,87	0,90
	SAFRA	0,90	0,0047	0,89	0,91
	ZERO	0,75	0,0031	0,74	0,76

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Os animais foram ordenados em função do valor genético predito para as diferentes abordagens. A correlação entre os rankings dos animais foi realizada pela metodologia de Spearman, tendo como referência os valores preditos para os animais com pedigree completo (Tabelas 8 e 10). O coeficiente de correlação de Spearman é considerado um teste não paramétrico, que não exige as pressuposições exigidas por Pearson, tais como: distribuição de probabilidade normal e homogeneidade de variância dos dados (RESTREPO; GONZÁLEZ, 2007).

Os resultados gerais (Tabela 8) foram muito próximos aos estimados por Pearson, ressaltando principais diferenças apenas entre as análises com ausência de GG e as que os consideraram. Os valores das correlações também foram semelhantes entre as diferentes estratégias de GG para os animais da última safra analisada (2009). Todas as estratégias de grupo proporcionaram coeficientes de correlação muito forte. As análises ZERO proporcionaram fortes correlações, mas continuaram inferiores às demais (Tabelas 9 e 10).

O número de GG formados quando considerado apenas os animais da última

safra foi pequeno, sendo: quatro grupos por FAZNAS, quatro por FAZSAFRA e, obviamente, um grupo por SAFRA. O mesmo padrão de distribuição dos animais em grupos foi observado para as demais características estudadas. Rodriguez et al. (1996), que trabalharam com a estratégia de ano de nascimento como critérios de GG declaram que se poucos grupos forem formados, a modelagem estatística pode não ser adequada para as predições genéticas. Entretanto, Quaas (1988) concluiu que poucos grupos são preferíveis frente a muitos grupos com poucos animais, por evitar confundimento entre os efeitos fixos do modelo. Para Sullivan (1995), pode existir confundimento entre efeitos fixos mesmo com um grande número de animais por grupos.

Tabela 9 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos para indivíduos da última safra – 2009 – na análise genética com ou sem grupos genéticos para peso ao desmame, considerando 30, 50 e 70 % com paternidade desconhecida

Cenário (%)	**Estratégia**	**Correlações de Pearson**			
		M	**DP**	**MIN**	**MAX**
30	FAZNAS	0,95	0,0019	0,95	0,96
	FAZSAFRA	0,95	0,0035	0,95	0,96
	SAFRA	0,96	0,0017	0,95	0,96
	ZERO	0,91	0,0024	0,91	0,92
50	FAZNAS	0,93	0,0029	0,92	0,93
	FAZSAFRA	0,92	0,0048	0,91	0,93
	SAFRA	0,93	0,0019	0,93	0,94
	ZERO	0,89	0,0027	0,88	0,89
70	FAZNAS	0,90	0,0025	0,90	0,91
	FAZSAFRA	0,90	0,0069	0,88	0,91
	SAFRA	0,91	0,0023	0,90	0,91
	ZERO	0,86	0,0023	0,86	0,87

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: ano de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Os desvios padrão foram pequenos para todas as análises, indicando forte semelhança entre os resultados obtidos pelas diferentes amostragens. A estratégia FAZNAS, com 50% de pais desconhecidos teve valor médio igual de correlação ao calculado por SAFRA e, no cenário com 30 e 70%, iguais a FAZSAFRA (Tabela 9).

Os menores coeficientes foram relatados com ZERO considerando as maiores porcentagem de pais ausentes.

Os coeficientes estimados por Spearman também se mostraram próximos, com valores mais discrepantes para as análises sem a inclusão dos grupos genéticos (ZERO, Tabela 10).

Tabela 10 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos para indivíduos da última safra – 2009 – na análise genética com ou sem grupos genéticos para peso ao desmame, considerando 30, 50 e 70 % dos animais com paternidade desconhecida

Cenário (%)	Estratégia	Correlações de Spearman			
		M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,95	0,0025	0,94	0,95
	FAZSAFRA	0,95	0,0039	0,94	0,96
	SAFRA	0,95	0,0021	0,94	0,96
	ZERO	0,90	0,0024	0,89	0,90
50	FAZNAS	0,92	0,0031	0,91	0,92
	FAZSAFRA	0,91	0,0054	0,90	0,93
	SAFRA	0,92	0,0022	0,92	0,93
	ZERO	0,87	0,0029	0,86	0,88
70	FAZNAS	0,89	0,0030	0,88	0,89
	FAZSAFRA	0,88	0,0070	0,87	0,90
	SAFRA	0,89	0,0029	0,88	0,90
	ZERO	0,85	0,0023	0,84	0,85

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Os resultados do cálculo da eficiência de seleção pela metodologia proposta por Peškovičová, Groeneveld e Wolf (2004) foram tabulados para o banco completo e para os animais da última safra estudada. Três diferentes intensidades de seleção foram consideradas, selecionando 10.838 (10%), 21.676 (20%) ou 54.190 (50%) dos animais presentes no banco (Tabela 11). O mesmo foi feito considerando apenas os animais nascidos na última safra, escolhendo 519 (10%), 1.038 (20%) ou 2.593 (50%) dos indivíduos (Tabela 12).

Tabela 11 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência na seleção de 10, 20 e 50% dos melhores animais para a característica peso ao desmame, considerando trinta (GG30), cinquenta (GG50) e setenta (GG70) por cento dos animais com paternidade desconhecida

Estratégia	**GG30**				**GG50**				**GG70**			
	M	**DP**	**MIN**	**MAX**	**M**	**DP**	**MIN**	**MAX**	**M**	**DP**	**MIN**	**MAX**
10% melhores animais												
FAZNAS	96,4	0,21	96,0	96,9	94,1	0,32	93,2	94,7	92,0	0,45	90,6	92,9
FAZSAFRA	97,6	0,11	97,3	97,9	96,0	0,12	95,6	96,2	94,2	0,23	93,6	94,7
SAFRA	97,9	0,07	97,7	98,0	96,4	0,09	96,3	96,6	94,9	0,17	94,4	95,2
ZERO	92,8	0,25	92,2	93,4	90,1	0,26	89,5	90,6	88,0	0,22	87,6	88,4
20% melhores animais												
FAZNAS	96,3	0,23	95,9	96,8	94,0	0,35	93,0	94,6	91,8	0,46	90,4	92,6
FAZSAFRA	97,8	0,10	97,6	98,1	96,4	0,14	95,9	96,7	94,7	0,21	94,3	95,2
SAFRA	98,0	0,06	97,9	98,2	96,7	0,09	96,5	96,9	95,3	0,17	94,8	95,6
ZERO	92,9	0,24	92,2	93,4	90,3	0,23	89,8	90,8	88,3	0,18	88,0	88,7
50% melhores animais												
FAZNAS	96,5	0,20	96,1	96,8	94,4	0,32	93,7	94,9	92,6	0,44	91,2	93,4
FAZSAFRA	98,4	0,08	98,1	98,5	97,3	0,14	97,0	97,5	95,8	0,22	95,3	96,2
SAFRA	98,5	0,06	98,4	98,6	97,5	0,09	97,3	97,7	96,3	0,19	95,8	96,7
ZERO	93,9	0,19	93,4	94,4	91,8	0,17	91,5	92,2	90,2	0,13	89,9	90,5

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Mais uma vez observou-se um pequeno valor de desvio padrão para todas as abordagens, com valores mínimos e máximos bem próximos. A estratégia de agrupamento por SAFRA mostrou-se ligeiramente melhor, independentemente a intensidade de seleção adotada. A ausência de grupos genéticos proporcionou menor eficiência de seleção quando comparada com qualquer estratégia de agrupamento.

Os resultados são mais distintos à medida que se aumenta a porcentagem de paternidade desconhecida. No trabalho de Peškovičová, Groeneveld e Wolf (2004), os autores afirmaram que a intensidade de seleção aplicada teria pouca influência sob a média da eficiência seletiva dos animais.

Tabela 12 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos melhores animais da última safra – 2009 –, para a característica peso ao desmame, considerando 30 (GG30), 50 (GG50) e 70 (GG70) % dos animais com paternidade desconhecida

Estratégia	GG30				GG50				GG70			
	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX
10% melhores animais												
FAZNAS	97,9	0,23	97,4	98,4	96,6	0,29	96,1	97,3	95,3	0,32	94,2	95,9
FAZSAFRA	97,8	0,32	96,9	98,3	96,3	0,45	95,0	97,4	95,1	0,56	93,2	95,9
SAFRA	98,0	0,22	97,5	98,3	96,9	0,23	96,3	97,3	95,7	0,29	94,9	96,4
ZERO	95,6	0,26	95,1	96,2	94,3	0,29	93,7	94,8	93,3	0,32	92,8	94,0
20% melhores animais												
FAZNAS	98,3	0,14	97,9	98,6	97,2	0,17	96,7	97,5	96,2	0,18	95,8	96,7
FAZSAFRA	98,2	0,24	97,6	98,6	97,0	0,28	96,2	97,7	95,9	0,30	95,0	96,5
SAFRA	98,3	0,15	97,9	98,7	97,4	0,18	97,0	97,7	96,4	0,19	95,9	96,8
ZERO	96,1	0,21	95,8	96,6	95,1	0,18	94,6	95,4	94,2	0,20	93,8	94,7
50% melhores animais												
FAZNAS	98,6	0,09	98,4	98,8	97,8	0,11	97,6	98,1	97,1	0,11	96,8	97,3
FAZSAFRA	98,7	0,13	98,4	98,9	97,8	0,17	97,5	98,1	97,0	0,20	96,5	97,3
SAFRA	98,8	0,08	98,5	99,0	98,0	0,08	97,9	98,2	97,3	0,10	97,0	97,5
ZERO	97,4	0,10	97,2	97,6	96,6	0,12	96,4	96,8	95,9	0,12	95,7	96,2

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Os resultados para os animais nascidos na última safra estudada seguiram o padrão dos resultados para o banco completo. A eficiência de seleção, no geral, resultou em valores muito próximos, mesmo na ausência de grupos (ZERO).

O coeficiente de regressão linear foi estimado visando estabelecer uma relação entre os valores genéticos preditos pelos diferentes modelos (Tabela 13).

Tabela 13 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) relacionado ao coeficiente de regressão linear simples dos valores genéticos preditos pelo modelo (2) considerando 30, 50 ou 70% dos animais com pais desconhecidos, em função dos valores obtidos pelo modelo com pais conhecidos (1), para a característica peso ao desmame

Cenário (%)	Estratégia	M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,81	0,007	0,80	0,83
	FAZSAFRA	0,93	0,007	0,91	0,94
	SAFRA	0,92	0,007	0,90	0,94
	ZERO	0,69	0,005	0,68	0,70
50	FAZNAS	0,75	0,008	0,73	0,77
	FAZSAFRA	0,88	0,010	0,87	0,90
	SAFRA	0,87	0,010	0,85	0,90
	ZERO	0,64	0,004	0,62	0,65
70	FAZNAS	0,70	0,009	0,69	0,73
	FAZSAFRA	0,84	0,012	0,81	0,86
	SAFRA	0,83	0,012	0,80	0,85
	ZERO	0,60	0,003	0,59	0,61

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Os pequenos valores de desvio padrão demonstram que os resultados foram, em geral, homogêneos, caracterizando baixa variabilidade. Tal fato pode ser confirmado pela pequena diferença observada entre os valores mínimos e máximos.

As estratégias de agrupamento de SAFRA, no cenário de 70%, e FAZSAFRA, no cenário de 30% dos animais com pais desconhecidos, tiveram os melhores resultados, com 93 e 84% de eficiência na predição em relação ao modelo “controle”. Como era de ser esperar, o aumento da taxa de pais desconhecidos gerou maiores diferenças entre as predições dos valores genéticos, corroborando com (POLLAK; QUAAS, 1983), que afirmaram que a necessidade dos GG era inversamente proporcional ao número de informações no pedigree.

Uma última análise foi realizada utilizando apenas os animais que tiveram a informação de pai substituída por alguma estrutura de grupo genético ou simplesmente apagada (ZERO). O ranking dos valores genéticos preditos antes e depois da modificação da identidade de pai desses animais foi comparado pela correlação de Spearman (Tabela 14).

Tabela 14 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN), máximo (MAX) e correlação de Spearman (CORR) dos valores genéticos aditivo, referentes aos animais que perderam informação de pai para a característica de peso ao desmame

Cenário (%)	Estratégia	M	DP	MIN	MAX	CORR
	CONTROLE	6,45	5,89	-30,11	29,74	--
30	FAZNAS	1,32	5,11	-26,49	25,03	0,83
	FAZSAFRA	1,19	5,73	-28,44	22,71	0,89
	SAFRA	1,30	5,68	-27,57	20,91	0,96
	ZERO	0,72	4,78	-29,48	22,94	0,85
50	FAZNAS	1,32	5,11	-25,20	22,34	0,85
	FAZSAFRA	1,24	5,57	-26,24	21,64	0,93
	SAFRA	1,33	5,48	-24,01	25,65	0,93
	ZERO	0,56	4,68	-26,91	23,07	0,79
70	FAZNAS	1,25	4,98	-25,69	24,92	0,80
	FAZSAFRA	1,42	5,56	-26,59	23,85	0,88
	SAFRA	1,42	5,45	-26,32	25,95	0,90
	ZERO	0,48	4,66	-26,30	22,56	0,75

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Os valores dos desvios padrão demonstraram que a variabilidade entre os resultados foram semelhantes com preditos pelo modelo controle. O resultado médio para os animais com pedigree completo foi bem superior aos demais. Entretanto, as correlações dos rankings foram altas, o que pode significar que os resultados seguem certa tendência de variação. A ausência de grupos (ZERO) proporcionou resultados mais coerentes com os considerados “verdadeiros” do que a estratégia FAZNAS, com correlações de 0,85 contra 0,83, respectivamente, no cenário de 30% de pais desconhecidos. Com 50% dos animais sem informação de pai, FAZSAFRA e SAFRA obtiveram os mesmos resultados de correlação, igualmente quando apenas os animais nascidos na última safra foram analisados. A melhor estrutura de grupos continuou sendo pelo critério SAFRA, quando se tem a maior porcentagem de pais desconhecidos (70%).

Phocas e Laloë (2004) discutiram que quando o efeito de GG foi desprezado ou mesmo tratado como aleatório, os valores genéticos tendiam a zero. Isso

coincide com os resultados obtidos para as análises que desconsideraram os GG, com médias tendendo a zero à medida que aumentam o número de animais sem informação de pai.

Os gráficos de dispersão entre os diferentes valores genéticos preditos (Figuras 10, 11 e 12) demonstram o comportamento conjunto dos resultados e a eficiência das estratégias estudadas.

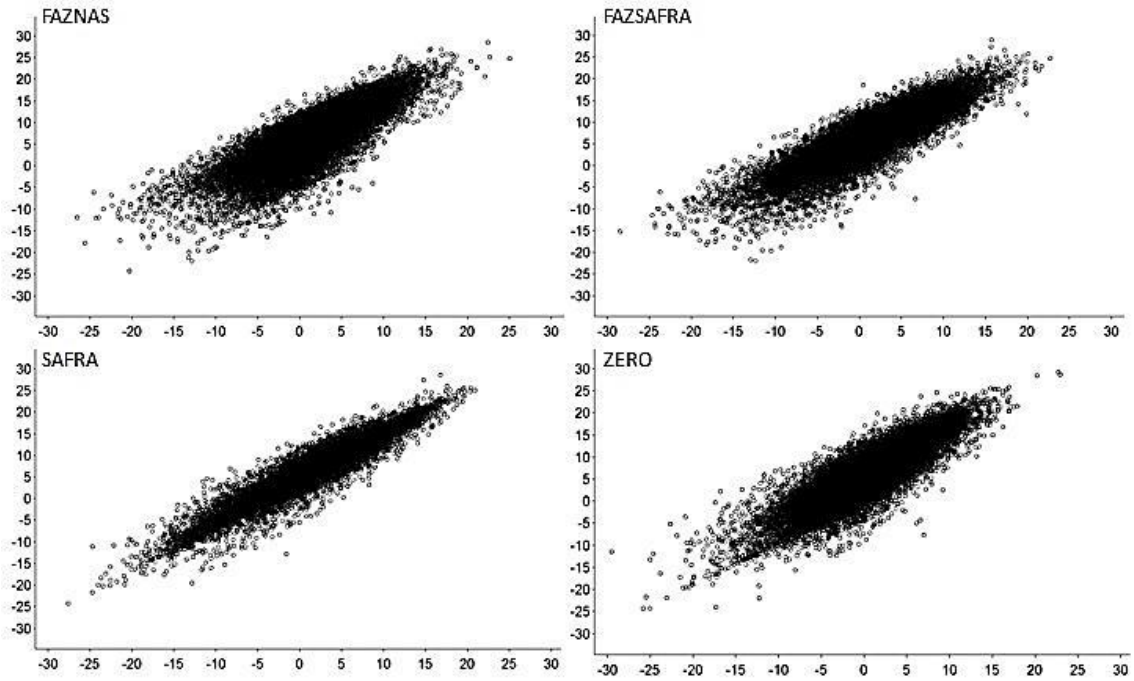

Figura 10 - Gráficos de dispersão entre o valor genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 30% dos animais com paternidade desconhecida

Cada ponto das nuvens representa um animal. No eixo das abcissas estão os valores genéticos preditos pelo modelo 1 (modelo controle), e nas ordenadas os preditos com os grupos genéticos ou com os animais com pais desconhecidos (ZERO). É visível que com SAFRA os valores ficaram mais próximos que as demais abordagens. Os dados ficaram mais dispersos com os grupos por FAZNAS.

As nuvens da figura 11 demonstram o comportamento semelhante entre os resultados preditos com FAZSAFRA e SAFRA. O mesmo é observado na figura 12, com os resultados diferindo em apenas dois pontos percentuais.

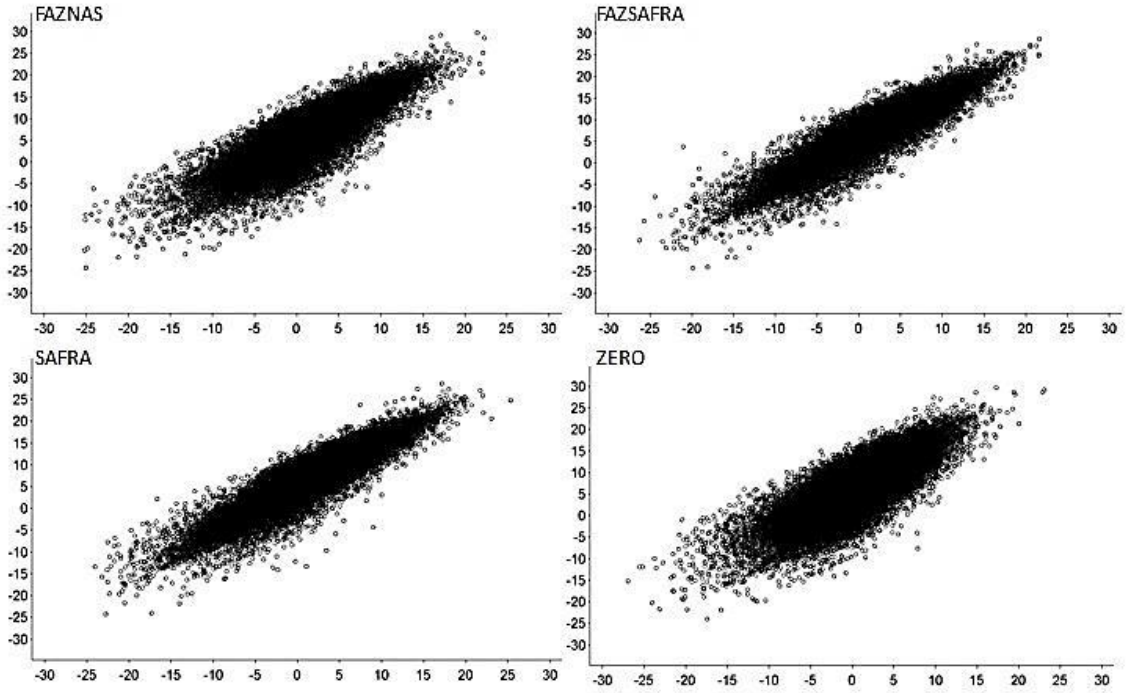

Figura 11 - Gráficos de dispersão entre o valor genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 50% dos animais com paternidade desconhecida

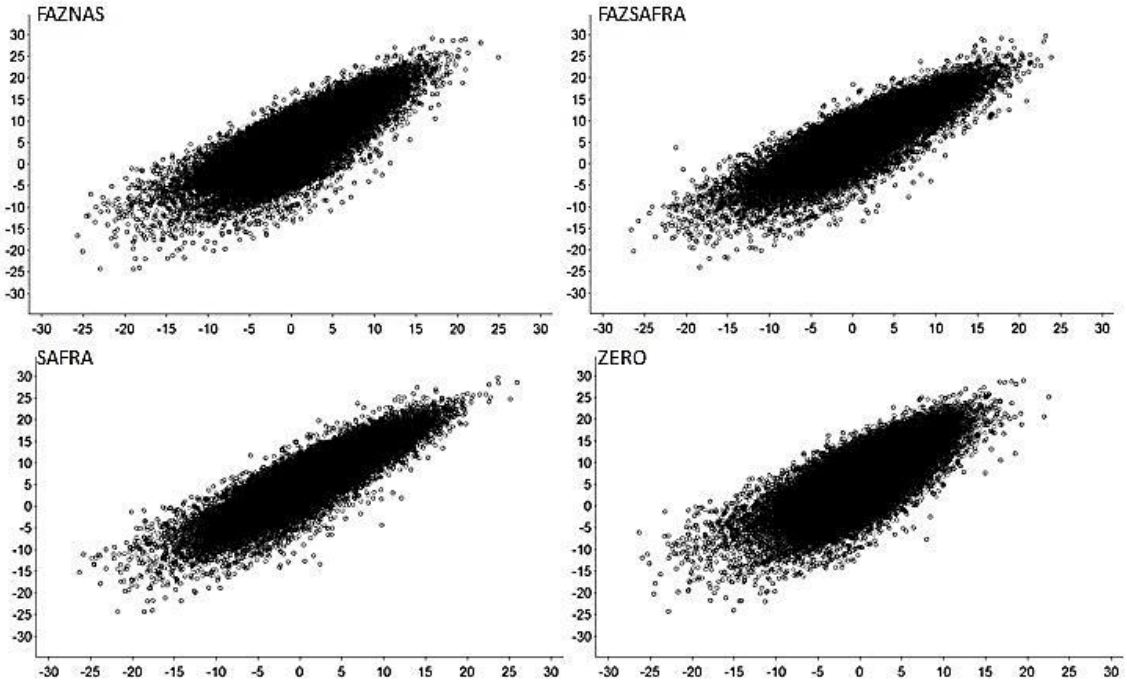

Figura 12 - Gráficos de dispersão entre o valor genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 70% dos animais com paternidade desconhecida

Os valores das acurácias dos valores genéticos preditos foram calculados visando corroborar com a escolha da melhor alternativa de suprir a informação paterna nas análises genéticas. Para tal, foram calculadas as acurácias para todos os animais, para touros, animais da última safra (2009) e para as fêmeas presentes do banco de dados.

Não houve diferença entre as médias totais independentemente da estratégia aplicada (Tabela 15). Os resultados se distanciam do grupo controle conforme aumentam o número de animais com pai desconhecido. A maior diferença foi relatada entre a média de touros, comparando o grupo controle com a estratégia ZERO, no cenário de 70% de animais sem a informação paterna. No geral, as médias das análises com pais desconhecidos foram próximas aos da análise controle, ficando mais evidente apenas quando considerado apenas os resultados obtidos por touros.

Hickey et al. (2008) mencionam que quanto maior o número de informações, maior é o valor da acurácia dos valores genéticos. Isso juntifica os maiores valores relatados para touros, visto que são os animais com maior número de parentes no banco de dados.

Os resultados obtidos com a estratégia SAFRA no cenário de 30% e FAZNAS e FAZSAFRA no cenário de 70% não seguiram os padrões das demais análises por falhas computacionais.

Tabela 15 - Acurácia média (desvio padrão) dos valores genéticos preditos para todos os animais (GE), touros (TO), animais da última safra (2009, US) e vacas (VA), considerando as análises controle e com a inclusão de grupos genéticos com 30, 50 ou 70% dos animais com paternidade desconhecida para a característica peso ao desmame

Cenário (%)	Estratégia	GE	TO	US	VA
	CONTROLE	0,17 (0,10)	0,24 (0,04)	0,24 (0,02)	0,14 (0,10)
30	FAZNAS	0,15 (0,09)	0,19 (0,07)	0,21 (0,04)	0,13 (0,10)
	FAZSAFRA	0,15 (0,09)	0,19 (0,07)	0,20 (0,05)	0,12 (0,10)
	SAFRA	0,15 (0,09)	0,19 (0,07)	0,21 (0,05)	0,13 (0,10)
	ZERO	0,15 (0,09)	0,19 (0,07)	0,21 (0,04)	0,13 (0,10)
50	FAZNAS	0,14 (0,08)	0,17 (0,06)	0,19 (0,04)	0,12 (0,09)
	FAZSAFRA	0,14 (0,08)	0,17 (0,07)	0,18 (0,05)	0,12 (0,09)
	SAFRA	0,14 (0,08)	0,17 (0,06)	0,19 (0,04)	0,12 (0,09)
	ZERO	0,14 (0,08)	0,17 (0,06)	0,19 (0,04)	0,12 (0,09)
70	FAZNAS*	0,01 (0,01)	0,01 (0,01)	0,01 (0,01)	0,01 (0,01)
	FAZSAFRA*	0,01 (0,01)	0,01 (0,01)	0,01 (0,01)	0,01 (0,01)
	SAFRA	0,13 (0,07)	0,16 (0,05)	0,17 (0,04)	0,11 (0,08)
	ZERO	0,11 (0,08)	0,14 (0,07)	0,17 (0,04)	0,10 (0,08)

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético; *: não convergiram.

6.3.2 Peso ao sobreano (PSOB)

Animais com dados de peso ao sobreano (PSOB) foram registrados em 13 fazendas. O número de safras com a característica foi 26, sendo o mesmo considerado em peso ao desmame. A concatenação entre fazenda e ano de nascimento (FAZSAFRA) resultou em 108 estruturas de grupos genéticos (Tabela 16). Grupos com menos de dez indivíduos foram formados apenas pelo critério FAZSAFRA, com 30% dos animais sem informação paterna. O maior número de animais foi reunido por FAZNAS, quando considerado 70% dos animais com pais desconhecidos.

Tabela 16 - Número de grupos formados (N), média (M), mínimo (MIN) e máximo (MAX) de indivíduos por estratégia de agrupamento, considerando os cenários de 30, 50 e 70 % dos animais com paternidade desconhecida para a característica peso ao sobreano

Cenário (%)	Estratégia	N	M	MIN	MAX
30	FAZNAS	13	1.885	13	12.291
	FAZSAFRA	108	227	5	1.019
	SAFRA	26	942	210	1.436
50	FAZNAS	13	3.142	15	20.403
	FAZSAFRA	108	378	14	1.697
	SAFRA	26	1.571	337	2.441
70	FAZNAS	13	4.398	28	28.585
	FAZSAFRA	108	529	18	2.311
	SAFRA	26	2.199	487	3.520

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal.

Os resultados das correlações entre os valores genéticos preditos para os 81.675 animais com PSOB, pelos diferentes modelos foram apresentados na tabela 17. Os valores mínimos e máximos calculados foram próximos ao valor médio, refletindo em um pequeno valor de desvio padrão, independentemente da abordagem de agrupamento adotada. Tais resultados indicam que a variabilidade entre os resultados obtidos pelas diferentes amostragens foi muito pequena.

Tabela 17 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos pela análise genética com ou sem grupos genéticos para peso ao sobreano, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida

Cenário (%)	Estratégia	Correlações de Pearson			
		M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,96	0,0015	0,95	0,96
	FAZSAFRA	0,98	0,0005	0,98	0,98
	SAFRA	0,98	0,0004	0,98	0,98
	ZERO	0,87	0,0043	0,86	0,88
50	FAZNAS	0,93	0,0020	0,92	0,93
	FAZSAFRA	0,97	0,0007	0,97	0,97
	SAFRA	0,97	0,0005	0,97	0,97
	ZERO	0,81	0,0040	0,81	0,83
70	FAZNAS	0,90	0,0032	0,89	0,91
	FAZSAFRA	0,96	0,0012	0,96	0,96
	SAFRA	0,96	0,0009	0,96	0,96
	ZERO	0,78	0,0029	0,77	0,78

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Os grupos estruturados por FAZNAS apresentaram valores mais baixos de correlação genética, em comparação com os demais grupos genéticos (GG). As estratégias de FAZSAFRA e SAFRA resultaram em predições de valore genéticos semelhantes, correlacionando com a mesma magnitude com os valores preditos para os animais com pedigree completo. A ausência de GG (ZERO) resultou em valores de correlações inferiores, indicando maior distância dos valores genéticos preditos pelo modelo controle.

A correlação de ranking dos animais (Tabela 18) seguiu o mesmo padrão da correlação entre os valores genéticos. Os resultados extremos também foram próximos à média, com correlações mais altas quando adotado as estratégias de FAZSAFRA ou SAFRA.

Tabela 18 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos pela análise genética com ou sem grupos genéticos para peso ao sobreano, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida

Cenário (%)	Estratégia	Correlações de Spearman			
		M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,95	0,0017	0,95	0,96
	FAZSAFRA	0,98	0,0004	0,98	0,98
	SAFRA	0,98	0,0003	0,98	0,98
	ZERO	0,85	0,0048	0,84	0,87
50	FAZNAS	0,92	0,0023	0,91	0,92
	FAZSAFRA	0,97	0,0008	0,97	0,97
	SAFRA	0,97	0,0005	0,97	0,97
	ZERO	0,80	0,004	0,79	0,81
70	FAZNAS	0,89	0,0036	0,88	0,90
	FAZSAFRA	0,96	0,0014	0,95	0,96
	SAFRA	0,96	0,0011	0,96	0,96
	ZERO	0,76	0,0031	0,75	0,76

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Foram registrados 4.745 animais com informação de PSOB, nascidos na safra do ano de 2009. Praticamente não houve diferença de predições para esses animais, independentemente da estratégia de grupo adotada (Tabela 19). Todos os valores ficaram bem próximos, com maior discrepância apenas para a estratégia ZERO.

Os resultados obtidos por Spearman (Tabela 20) foram similares aos de Pearson, indicando não haver grandes diferenças de ranking dos animais independentemente do grupo genético utilizado.

Theron, Kanfer e Rautenbach (2003) também trabalharam com correlação de Spearman entre modelos com ou sem GG em animais da raça Holandesa. No estudo, valores de correlação entre 0,88 a 0,95 foram demonstrados, levando os autores a concluir que a inclusão dos GG não alteraria de forma significante o ranking dos animais.

Tabela 19 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos para indivíduos da última safra – 2009 – na análise genética com ou sem grupos genéticos para peso ao sobreano, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida

Cenário (%)	Estratégia	Correlações de Pearson			
		M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,96	0,0012	0,96	0,98
	FAZSAFRA	0,97	0,0023	0,97	0,98
	SAFRA	0,98	0,0011	0,97	0,98
	ZERO	0,94	0,0019	0,94	0,95
50	FAZNAS	0,95	0,0020	0,94	0,95
	FAZSAFRA	0,96	0,0029	0,95	0,96
	SAFRA	0,96	0,0012	0,96	0,96
	ZERO	0,93	0,001	0,93	0,93
70	FAZNAS	0,93	0,0022	0,93	0,94
	FAZSAFRA	0,94	0,0045	0,93	0,95
	SAFRA	0,95	0,0014	0,95	0,95
	ZERO	0,92	0,0015	0,91	0,92

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Tabela 20 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos para indivíduos da última safra – 2009 – na análise genética com ou sem grupos genéticos para peso ao sobreano, considerando 30, 50 ou 70% dos animais com paternidade desconhecida

Cenário (%)	Estratégia	Correlações de Spearman			
		M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,96	0,0014	0,96	0,97
	FAZSAFRA	0,97	0,0024	0,97	0,98
	SAFRA	0,98	0,0011	0,97	0,98
	ZERO	0,94	0,0019	0,94	0,95
50	FAZNAS	0,95	0,0020	0,94	0,95
	FAZSAFRA	0,96	0,0030	0,95	0,96
	SAFRA	0,96	0,0013	0,96	0,96
	ZERO	0,93	0,002	0,92	0,93
70	FAZNAS	0,93	0,0023	0,92	0,94
	FAZSAFRA	0,94	0,0049	0,92	0,95
	SAFRA	0,95	0,0014	0,94	0,95
	ZERO	0,91	0,0017	0,91	0,92

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

A eficiência de seleção considerou 8.168, 16.335 e 40.838 animais escolhidos como top 10, 20 e 50%, respectivamente. Os resultados também foram semelhantes para as estratégias de grupo FAZSAFRA e SAFRA, independentemente da porcentagem de animais com pais desconhecidos (Tabela21). Os resultados entre amostragens demonstraram, mais uma vez, baixa variabilidade, refletindo em baixos valores de desvio padrão (DP).

Tabela 21 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos 10, 20 e 50% melhores animais para a característica peso ao sobreano, considerando trinta (GG30), 50 (GG50) e 70% (GG70) dos animais com paternidade desconhecida

Estratégia	GG30				GG50				GG70			
	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX
10% melhores animais												
FAZNAS	97,3	0,14	96,9	97,6	95,3	0,15	95,0	95,7	93,6	0,20	93,1	94,1
FAZSAFRA	99,0	0,04	98,9	99,1	98,4	0,07	98,2	98,5	97,6	0,12	97,3	97,9
SAFRA	99,1	0,03	99,0	99,2	98,5	0,05	98,4	98,6	97,8	0,10	97,5	98,0
ZERO	91,9	0,33	91,1	92,7	88,3	0,32	87,7	89,1	85,7	0,27	85,2	86,2
20% melhores animais												
FAZNAS	97,3	0,11	97,0	97,5	95,4	0,13	95,2	95,7	93,8	0,20	93,3	94,3
FAZSAFRA	99,1	0,03	99,0	99,2	98,5	0,06	98,3	98,6	97,8	0,09	97,6	98,0
SAFRA	99,1	0,03	99,1	99,2	98,6	0,05	98,4	98,6	97,9	0,09	97,6	98,1
ZERO	92,0	0,29	91,2	92,8	88,8	0,27	88,2	89,6	86,5	0,22	86,0	87,0
50% melhores animais												
FAZNAS	97,9	0,08	97,7	98,1	96,4	0,10	96,2	96,7	95,2	0,17	94,7	95,5
FAZSAFRA	99,3	0,03	99,2	99,3	98,8	0,04	98,7	98,9	98,2	0,07	98,0	98,4
SAFRA	99,3	0,02	99,2	99,3	98,8	0,03	98,7	98,9	98,3	0,05	98,1	98,4
ZERO	93,5	0,22	92,9	94,0	90,9	0,18	90,4	91,4	89,0	0,14	88,8	89,4

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

A eficiência de seleção dos animais da última safra, considerando as três intensidades seletivas, também não demostrou grande diferença entre as estratégias de GG (Tabela 22). Observando apenas o valor médio absoluto, a estrutura de SAFRA proporcionou resultados mais favoráveis para a seleção dos melhores animais.

Tabela 22 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos 10, 20 e 50% melhores animais da última safra – 2009 –, para a característica peso ao sobreano, considerando trinta (GG30), 50 (GG50) e 70% (GG70) dos animais com paternidade desconhecida

Estratégia	GG30				GG50				GG70			
	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX
10% melhores animais												
FAZNAS	98,6	0,12	98,4	98,9	97,9	0,18	97,5	98,3	97,1	0,20	96,6	97,6
FAZSAFRA	99,0	0,18	98,4	99,3	98,3	0,25	97,8	98,8	97,7	0,26	97,0	98,1
SAFRA	99,1	0,12	98,8	99,4	98,5	0,17	98,1	98,9	97,9	0,13	97,6	98,2
ZERO	97,7	0,22	97,2	98,2	97,0	0,23	96,4	97,5	96,5	0,21	95,8	96,9
20% melhores animais												
FAZNAS	98,9	0,09	98,7	99,1	98,4	0,13	98,1	98,6	97,8	0,13	97,5	98,1
FAZSAFRA	99,1	0,14	98,7	99,4	98,6	0,16	98,2	98,9	98,0	0,21	97,4	98,5
SAFRA	99,3	0,09	99,0	99,5	98,8	0,10	98,5	99,0	98,3	0,09	98,1	98,5
ZERO	98,0	0,14	97,8	98,4	97,6	0,13	97,3	97,9	97,3	0,10	97,0	97,5
50% melhores animais												
FAZNAS	99,1	0,06	98,9	99,2	98,6	0,07	98,4	98,7	98,2	0,08	98,0	98,4
FAZSAFRA	99,4	0,07	99,2	99,5	98,9	0,07	98,8	99,1	98,5	0,14	98,0	98,8
SAFRA	99,4	0,05	99,3	99,5	99,0	0,06	98,9	99,1	98,7	0,06	98,6	98,8
ZERO	98,5	0,07	98,3	98,7	98,1	0,07	98,0	98,3	97,7	0,07	97,6	97,9

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal.

Os valores médios dos coeficientes de regressão linear demonstram uma alta semelhança entre os resultados preditos por FAZSAFRA ou SAFRA com o grupo controle (Tabela 23). Todos os desvio padrões (DP) foram pequenos, indicando boa precisão da média estimada.

Tabela 23 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) relacionado ao coeficiente de regressão linear simples dos valores genéticos preditos pelo modelo (2) considerando 30, 50 ou 70% dos animais com pais desconhecidos, em função dos valores obtidos pelo modelo com pais conhecidos (1), para a característica peso ao sobreano

Cenário (%)	Estratégia	M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,85	0,006	0,83	0,86
	FAZSAFRA	1,02	0,005	1,01	1,03
	SAFRA	1,01	0,006	1,00	1,03
	ZERO	0,69	0,005	0,67	0,70
50	FAZNAS	0,80	0,006	0,79	0,82
	FAZSAFRA	1,00	0,006	0,98	1,01
	SAFRA	0,99	0,007	0,98	1,01
	ZERO	0,64	0,004	0,63	0,65
70	FAZNAS	0,77	0,007	0,76	0,79
	FAZSAFRA	0,98	0,010	0,96	1,01
	SAFRA	0,97	0,008	0,95	0,99
	ZERO	0,61	0,003	0,61	0,62

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Os resultados das estatísticas descritivas e correlação de ranking foram tabulados, considerando apenas os valores genéticos dos indivíduos que perderam a informação paterna (Tabela 24).

Seguindo os resultados para peso ao desmame, a média dos valores genéticos “verdadeiros” foi bem superior às demais. Apesar da estratégia FAZSAFRA apresentar valores médios mais próximos aos da análise controle, as correlações de Spearman para esta e para SAFRA foram iguais em todos os cenários de paternidade desconhecida. A não inclusão dos GG nos modelos resultou em predições mais discrepantes e em menores valores de correlações entre os rankings dos animais.

Tabela 24 - Valor médio (M), mínimo (MIN), máximo (MAX) e desvio padrão (DP) e correlação de Spearman (CORR) dos valores genéticos, referentes aos animais que perderam informação de pai (30, 50 e 70%) para a característica de peso ao s dezoito meses de idade

Cenário (%)	Estratégia	M	DP	MIN	MAX	CORR
	CONTROLE	9,85	12,01	-54,61	57,93	--
30	FAZNAS	2,12	10,69	-55,09	46,87	0,95
	FAZSAFRA	2,40	12,49	-64,29	49,19	0,98
	SAFRA	2,32	12,33	-66,39	50,92	0,98
	ZERO	1,00	9,63	-53,68	44,89	0,78
50	FAZNAS	2,07	10,36	-55,70	44,36	0,92
	FAZSAFRA	2,51	12,44	-62,38	57,58	0,97
	SAFRA	2,35	12,30	-64,18	52,11	0,97
	ZERO	0,81	9,64	-54,90	57,42	0,75
70	FAZNAS	2,10	10,32	-59,12	51,78	0,89
	FAZSAFRA	2,46	12,24	-63,94	53,52	0,96
	SAFRA	2,40	12,06	-66,17	54,47	0,96
	ZERO	0,79	9,61	-58,45	44,48	0,74

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Os gráficos de dispersão entre os valores genéticos preditos pelos diferentes modelos facilitam a visualização da eficiência das técnicas de agrupamento (Figuras 13, 14 e 15). Nota-se que a estratégia ZERO resultou em pontos mais dispersos, enquanto que com FAZSAFRA ou SAFRA os mesmos então mais agrupados, significando maior proximidade dos resultados. Os grupos formados por FAZNAS proporcionaram valores de correlações intermediárias entre ZERO e as demais estratégias.

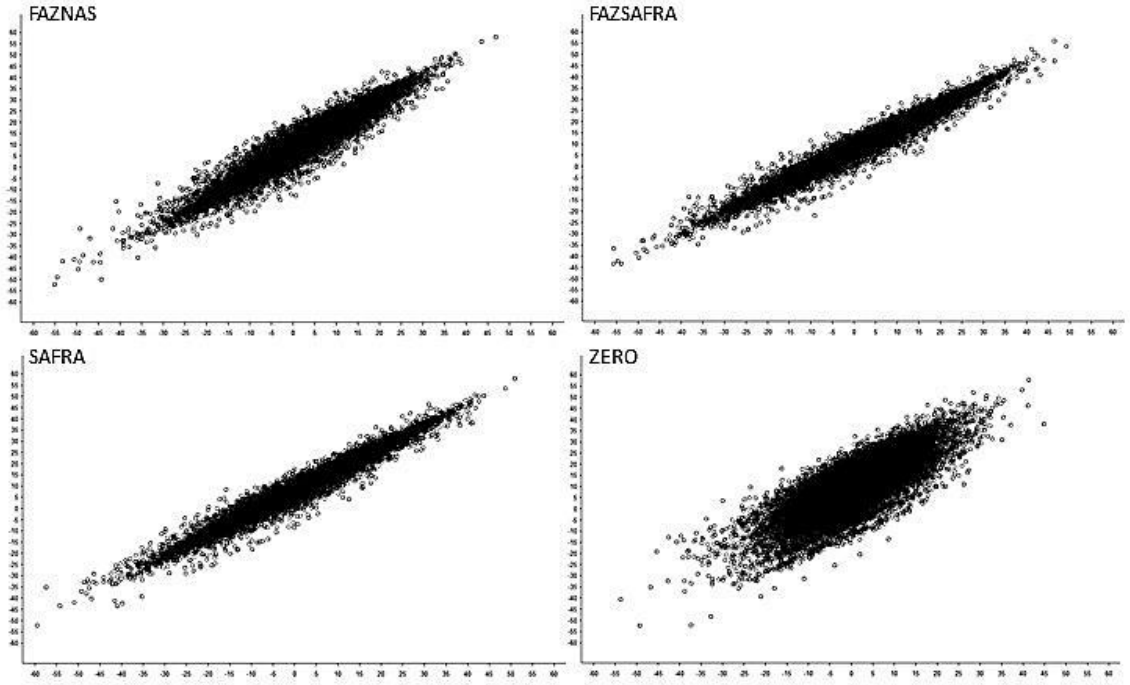

Figura 13 - Gráficos de dispersão entre o valor genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 30% dos animais com paternidade desconhecida

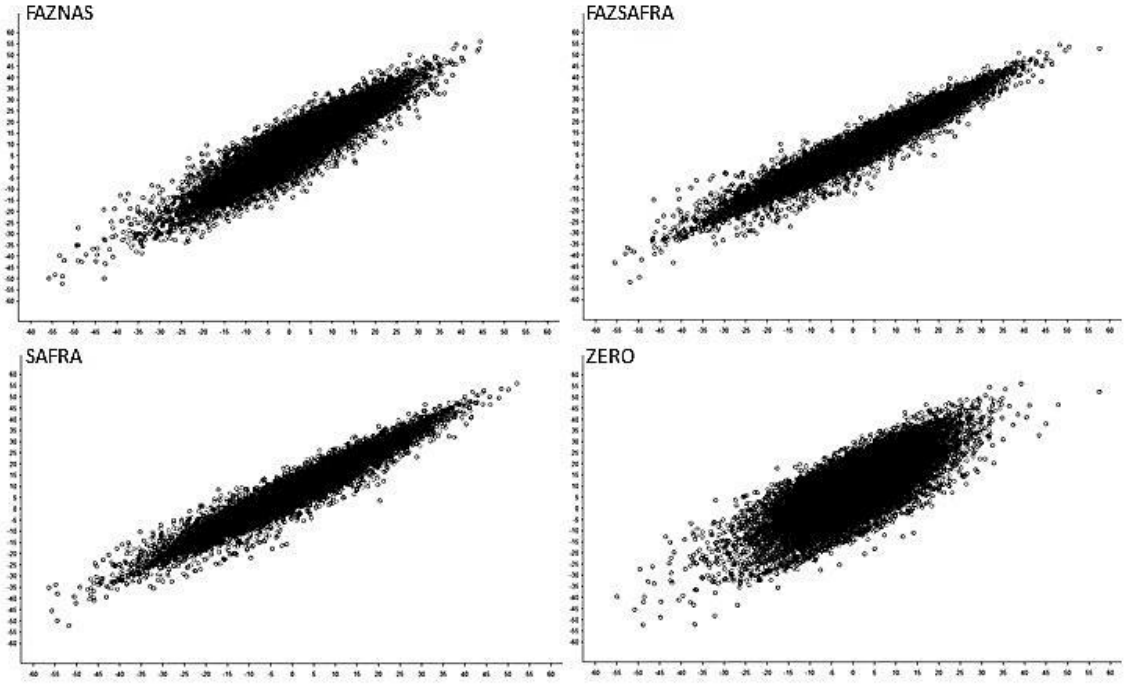

Figura 14 - Gráficos de dispersão entre o valor genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 50% dos animais com paternidade desconhecida

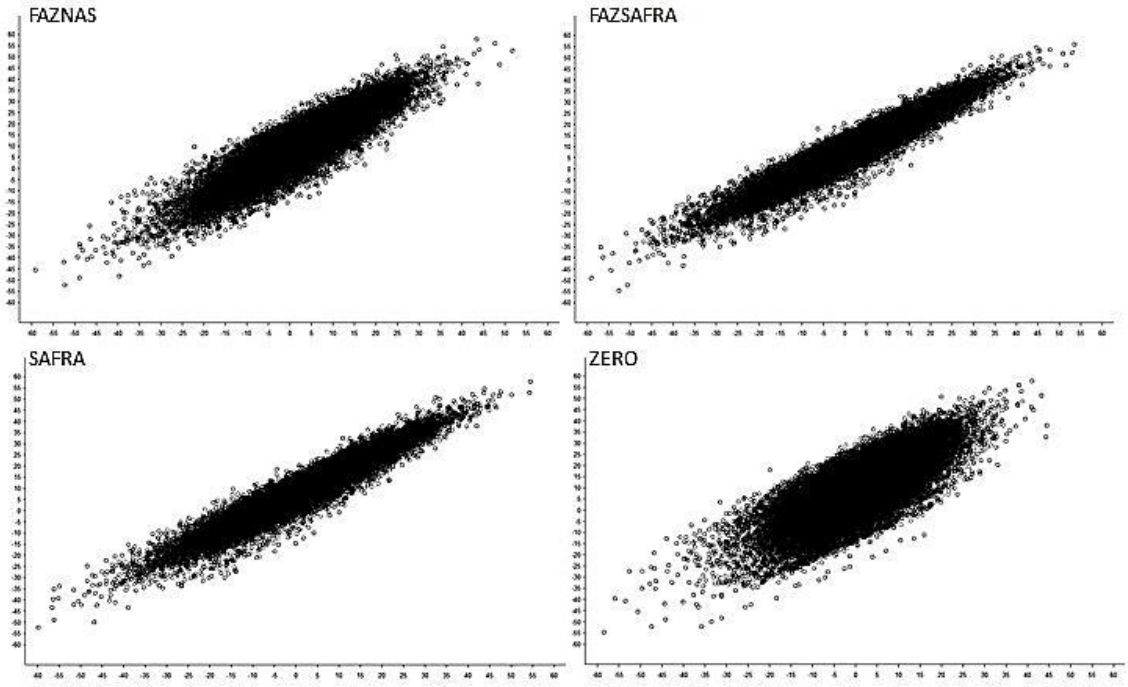

Figura 15 - Gráficos de dispersão entre o valor genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 70% dos animais com paternidade desconhecida

Os valores de acurácia seguiram o comportamento apresentado em peso ao desmame. Os resultados foram todos próximos, com maiores diferenças apenas quando comparado o grupo controle com os demais para os valores genéticos dos touros (Tabela 25). Não houve diferença nos resultados entre as diferenças estratégias de grupos e destas com a ausência de paternidade (ZERO). As análises com a estratégia SAFRA no cenário de 30% de pais desconhecidos não apresentaram resultados coerentes com as demais análises, sugerindo erro computacional.

Tabela 25 - Acurácia média (desvio padrão) dos valores genéticos preditos para todos os animais (GE), touros (TO), animais da última safra (2009, US) e vacas (VA), considerando as análises controle e com a inclusão de grupos genéticos com 30, 50 ou 70% dos animais com paternidade desconhecida para a característica peso aos dezoito meses

Cenário (%)	Estratégia	GE	TO	US	VA
	CONTROLE	0,23 (0,13)	0,31 (0,05)	0,31 (0,02)	0,19 (0,13)
30	FAZNAS	0,22 (0,12)	0,27 (0,08)	0,29 (0,04)	0,18 (0,13)
	FAZSAFRA	0,22 (0,12)	0,26 (0,08)	0,29 (0,04)	0,18 (0,13)
	SAFRA	0,22 (0,12)	0,27 (0,08)	0,29 (0,04)	0,18 (0,13)
	ZERO	0,22 (0,12)	0,27 (0,08)	0,29 (0,04)	0,18 (0,13)
50	FAZNAS	0,21 (0,11)	0,26 (0,08)	0,27 (0,04)	0,17 (0,12)
	FAZSAFRA	0,20 (0,11)	0,25 (0,08)	0,27 (0,04)	0,17 (0,12)
	SAFRA	0,21 (0,11)	0,25 (0,08)	0,27 (0,04)	0,18 (0,12)
	ZERO	0,21 (0,11)	0,25 (0,08)	0,27 (0,04)	0,18 (0,12)
70	FAZNAS	0,19 (0,11)	0,24 (0,07)	0,26 (0,03)	0,16 (0,12)
	FAZSAFRA	0,19 (0,11)	0,23 (0,07)	0,25 (0,03)	0,17 (0,12)
	SAFRA	0,19 (0,11)	0,24 (0,07)	0,26 (0,03)	0,17 (0,12)
	ZERO	0,20 (0,11)	0,24 (0,08)	0,26 (0,03)	0,17 (0,12)

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético; *: não convergiram.

6.3.3 Ganho de peso pós-desmame em 345 dias (GPSOB)

O número de grupos genéticos aditivos (GG) formados por estratégia foi semelhante ao demonstrado em PSOB, diferindo apenas na combinação FAZSAFRA, que teve um GG a menos (Tabela 26). Essa mesma estratégia foi a que apresentou menores valores de médias de indivíduos por grupo e, considerando 30% dos animais sem informação de pai, formou o menor GG, com apenas seis animais. A estratégia FAZNAS resultou em maior número de animais por grupo.

Tabela 26 - Número de grupos formados (N), média (M), mínimo (MIN) e máximo (MAX) de indivíduos por estratégia de agrupamento, considerando os cenários de 30, 50 e 70 % dos animais com paternidade desconhecida para a característica ganho de peso pós-desmame em 345 dias

Cenário (%)	Estratégia	N	M	MIN	MAX
30	FAZNAS	13	1.849	11	12.004
	FAZSAFRA	107	225	6	990
	SAFRA	26	924	183	1.463
50	FAZNAS	13	3.086	20	20.143
	FAZSAFRA	107	375	15	1.656
	SAFRA	26	1.543	348	2.427
70	FAZNAS	13	4.320	29	28.241
	FAZSAFRA	107	524	23	2310
	SAFRA	26	2.160	471	3.472

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal.

As médias das correlações entre os valores genéticos preditos para os 80.152 animais com GPSOB, pelos diferentes modelos propostos, foram similares entre as amostragens (Tabela 27). As estratégias FAZSAFRA e SAFRA mais uma vez se sobressaíram, com resultados semelhantes nos diferentes cenários de pais desconhecidos. A estratégia ZERO, novamente, foi a mais indesejável.

Tabela 27 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos pela análise genética com ou sem grupos genéticos para ganho de peso pós-desmame em 345 dias, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida

Cenário (%)	Estratégia	Correlações de Pearson			
		M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,93	0,003	0,92	0,93
	FAZSAFRA	0,96	0,001	0,96	0,96
	SAFRA	0,96	0,001	0,96	0,96
	ZERO	0,86	0,005	0,85	0,87
50	FAZNAS	0,88	0,004	0,87	0,89
	FAZSAFRA	0,93	0,002	0,93	0,94
	SAFRA	0,94	0,002	0,93	0,94
	ZERO	0,79	0,005	0,78	0,80
70	FAZNAS	0,83	0,005	0,82	0,84
	FAZSAFRA	0,90	0,004	0,89	0,91
	SAFRA	0,91	0,003	0,90	0,92
	ZERO	0,73	0,004	0,72	0,74

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

A correlação de Spearman seguiu o padrão da correlação entre os valores genéticos (Tabela 28). Com valores médios consistentes, FAZSAFRA e SAFRA demostraram resultados semelhantes e superiores as demais alternativas.

Tabela 28 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos pela análise genética com ou sem grupos genéticos para ganho de peso pós-desmame em 345 dias, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida

Cenário (%)	Estratégia	Correlações de Spearman			
		M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,92	0,003	0,92	0,93
	FAZSAFRA	0,96	0,001	0,96	0,96
	SAFRA	0,96	0,001	0,96	0,96
	ZERO	0,85	0,005	0,83	0,86
50	FAZNAS	0,87	0,005	0,85	0,88
	FAZSAFRA	0,93	0,002	0,92	0,94
	SAFRA	0,94	0,002	0,93	0,94
	ZERO	0,77	0,005	0,76	0,78
70	FAZNAS	0,82	0,005	0,81	0,83
	FAZSAFRA	0,90	0,004	0,89	0,90
	SAFRA	0,90	0,004	0,90	0,91
	ZERO	0,71	0,005	0,70	0,72

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Analisando a correlação de Pearson entre os 4.630 animais com GPSOB nascidos na última safra estudada, os resultados com 70% de pais desconhecidos foram semelhantes e considerados como fortemente correlacionados com o grupo controle (Tabela 29). A estratégia de SAFRA para o cenário de 50% assim como, todas as estratégias de GG com 30% de paternidade ausente resultaram em coeficientes de correlação muito fortes.

Igualmente, as correlações de ranking seguiram os padrões de resultados das correlações de Pearson (Tabela 30).

Tabela 29 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos para indivíduos da última safra – 2009 – na análise genética com e sem grupos genéticos para ganho de peso pós-desmame em 345 dias, considerando 30, 50 ou 70% dos animais com paternidade desconhecida

Cenário (%)	Estratégia	Correlações de Pearson			
		M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,91	0,003	0,90	0,92
	FAZSAFRA	0,94	0,006	0,92	0,95
	SAFRA	0,94	0,003	0,93	0,95
	ZERO	0,89	0,004	0,89	0,90
50	FAZNAS	0,87	0,004	0,86	0,88
	FAZSAFRA	0,90	0,007	0,88	0,91
	SAFRA	0,91	0,004	0,90	0,92
	ZERO	0,86	0,005	0,85	0,87
70	FAZNAS	0,84	0,004	0,82	0,85
	FAZSAFRA	0,85	0,014	0,80	0,87
	SAFRA	0,87	0,004	0,86	0,88
	ZERO	0,83	0,004	0,82	0,84

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Tabela 30 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos para indivíduos da última safra – 2009 – na análise genética com ou sem grupos genéticos para ganho de peso pós-desmame em 345 dias, considerando 30, 50 ou 70% dos animais com paternidade desconhecida

Cenário (%)	Estratégia	Correlações de Spearman			
		M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,91	0,004	0,90	0,92
	FAZSAFRA	0,94	0,006	0,92	0,95
	SAFRA	0,95	0,003	0,94	0,95
	ZERO	0,89	0,004	0,88	0,90
50	FAZNAS	0,87	0,004	0,86	0,88
	FAZSAFRA	0,90	0,007	0,88	0,91
	SAFRA	0,91	0,004	0,90	0,92
	ZERO	0,85	0,005	0,84	0,87
70	FAZNAS	0,84	0,004	0,82	0,85
	FAZSAFRA	0,86	0,015	0,80	0,88
	SAFRA	0,88	0,003	0,87	0,88
	ZERO	0,83	0,004	0,82	0,84

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

As diferenças entre os resultados da eficiência de seleção são mais visíveis quanto maior for intensidade de seleção. Mesmo assim, os animais agrupados por SAFRA obtiveram resultados mais favoráveis, com 93,8% de eficiência de seleção para os tops 10%, com 70% dos indivíduos sem registro de pai. Com a menor intensidade de seleção (top 50) os resultados de FAZSAFRA ficaram mais próximos aos calculados com SAFRA. A ausência de GG resultou em menor eficiência de seleção, independentemente do cenário de pais desconhecidos e da intensidade seletiva.

Tabela 31 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos 10, 20 e 50% melhores animais para a característica: ganho de peso pós-desmame em 345 dias, considerando 30 (GG30), 50 (GG50) e 70% (GG70) dos animais com paternidade desconhecida

Estratégia	**GG30**				**GG50**				**GG70**			
	M	**DP**	**MIN**	**MAX**	**M**	**DP**	**MIN**	**MAX**	**M**	**DP**	**MIN**	**MAX**
10% melhores animais												
FAZNAS	94,3	0,30	93,5	95,0	90,2	0,39	89,1	91,2	86,5	0,42	85,7	87,3
FAZSAFRA	97,4	0,14	97,0	97,6	95,4	0,21	94,9	95,8	93,0	0,37	92,1	93,5
SAFRA	97,6	0,09	97,4	97,9	95,9	0,15	95,5	96,2	93,8	0,44	92,5	94,7
ZERO	89,9	0,45	88,9	91,1	84,5	0,45	83,2	85,4	80,1	0,44	79,1	81,0
20% melhores animais												
FAZNAS	94,4	0,27	93,8	95,1	90,6	0,36	89,5	91,4	87,1	0,38	86,3	87,9
FAZSAFRA	97,5	0,12	97,3	97,7	95,7	0,20	95,3	96,1	93,4	0,34	92,5	93,9
SAFRA	97,8	0,09	97,5	97,9	96,1	0,13	95,8	96,4	94,1	0,34	93,1	94,7
ZERO	89,9	0,38	89,0	90,7	84,7	0,41	83,7	85,5	80,6	0,34	79,8	81,3
50% melhores animais												
FAZNAS	95,6	0,17	95,3	96,1	92,7	0,28	91,8	93,2	90,0	0,27	89,4	90,6
FAZSAFRA	97,9	0,07	97,7	98,0	96,4	0,15	96,0	96,8	94,5	0,23	94,0	94,9
SAFRA	98,0	0,06	97,8	98,1	96,6	0,11	96,4	96,8	95,0	0,21	94,4	95,3
ZERO	91,6	0,30	90,8	92,3	87,4	0,30	86,7	87,9	84,1	0,27	83,3	84,5

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Considerando apenas os 4.630 indivíduos com registro de GPSOB na safra de 2009, os grupos estruturados por SAFRA continuaram a apresentar os melhores resultados (Tabela 32). O não uso dos grupos genéticos (ZERO) demonstraram altos valores de eficiência seletiva, alcançando 97% nos top 50 com o menor cenário de pais desconhecidos. Ainda assim, as análises realizadas com ZERO resultaram em resultados inferiores que os obtidos com as técnicas de GG.

Tabela 32 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos 10, 20 e 50% melhores animais da última safra – 2009 –, para a característica: ganho de peso pós-desmame em 345 dias, considerando 30 (GG30), 50 (GG50) e 70% (GG70) dos animais com paternidade desconhecida

Estratégia	**GG30**				**GG50**				**GG70**			
	M	**DP**	**MIN**	**MAX**	**M**	**DP**	**MIN**	**MAX**	**M**	**DP**	**MIN**	**MAX**
10% melhores animais												
FAZNAS	96,8	0,28	96,2	97,7	95,0	0,38	94,4	96,0	93,0	0,45	91,7	93,8
FAZSAFRA	97,3	0,38	96,3	98,0	95,4	0,53	94,2	96,6	93,5	0,68	91,6	94,6
SAFRA	97,6	0,27	97,0	98,1	95,8	0,37	94,9	96,7	94,2	0,33	93,4	95,0
ZERO	95,9	0,35	95,0	96,5	94,2	0,42	93,2	95,0	92,4	0,48	91,1	93,6
20% melhores animais												
FAZNAS	97,0	0,20	96,6	97,5	95,4	0,27	94,9	96,0	93,6	0,28	92,9	94,4
FAZSAFRA	97,8	0,29	96,7	98,3	96,3	0,38	95,4	97,1	94,6	0,54	92,8	95,5
SAFRA	98,0	0,20	97,6	98,4	96,6	0,24	96,1	97,0	95,3	0,20	94,9	95,8
ZERO	96,2	0,26	95,6	96,9	94,7	0,32	94,0	95,6	93,4	0,30	92,6	94,0
50% melhores animais												
FAZNAS	97,7	0,12	97,4	97,9	96,8	0,14	96,5	97,1	95,8	0,17	95,3	96,1
FAZSAFRA	98,5	0,18	97,9	98,8	97,5	0,22	96,8	97,9	96,3	0,36	95,1	96,9
SAFRA	98,6	0,13	98,3	98,9	97,7	0,14	97,4	98,0	96,8	0,13	96,5	97,1
ZERO	97,0	0,15	96,8	97,4	96.3	0,17	96,0	96,6	95,5	0,18	95,0	96,0

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Reafirmando os resultados já discutidos, o coeficiente de regressão linear na ausência de GG foi menor que nas demais análises, demonstrando, em maior intensidade, uma subpredição dos valores genéticos dos animais (Tabela 33). A estratégia FAZSAFRA obteve coeficientes mais próximos de um, com valores bem próximos aos calculados com SAFRA. Os baixos valores dos coeficientes de variação refletem a homogeneidade dos resultados médios.

Tabela 33 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) relacionado ao coeficiente de regressão linear simples dos valores genéticos preditos pelo modelo (2) considerando 30, 50 ou 70% dos animais com pais desconhecidos, em função dos valores obtidos pelo modelo com pais conhecidos (1), para a característica de ganho de peso pós-desmame em 365 dias

Cenário (%)	Estratégia	M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,79	0,009	0,77	0,80
	FAZSAFRA	0,95	0,009	0,93	0,97
	SAFRA	0,94	0,008	0,92	0,95
	ZERO	0,67	0,007	0,65	0,68
50	FAZNAS	0,71	0,010	0,68	0,73
	FAZSAFRA	0,89	0,010	0,86	0,92
	SAFRA	0,88	0,012	0,85	0,91
	ZERO	0,59	0,006	0,57	0,60
70	FAZNAS	0,65	0,008	0,64	0,68
	FAZSAFRA	0,83	0,011	0,81	0,85
	SAFRA	0,82	0,015	0,78	0,85
	ZERO	0,54	0,004	0,53	0,55

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

A média dos valores genéticos preditos com a inclusão dos GG foi mais próxima ao grupo controle para a estratégia FAZSAFRA, exceto quando apenas 30% dos animais não tinham registro paterno (Tabela 34). Neste caso, a estratégia de SAFRA foi melhor, com média estimada de 1,02 kg/dia, seguida por FAZNAS que chegou a 0,91 kg/dia. Essa última apresentou melhor índice de correlação de ranking entre os animais, com valor de 0,92 contra 0,89 para as demais estruturas de grupo. Em contrapartida, os resultados de correlação com FAZNAS para os cenários com maior número de animais sem identificação paterna, foram inferiores aos demais grupos genéticos. As análises que ignoraram a inclusão dos grupos genéticos proporcionam menores valores genéticos médios e piores correlações com o modelo controle.

Tabela 34 - Valor médio (M), mínimo (MIN), máximo (MAX) e desvio padrão (DP) e correlação de Spearman (CORR) dos valores genéticos preditos, referentes aos animais que perderam informação de pai (30, 50 e 70%) para a característica de ganho de peso pós-desmame em 345 dias

Cenário (%)	Estratégia	M	DP	MIN	MAX	CORR
	CONTROLE	3,49	6,14	-22,95	40,48	--
30	FAZNAS	0,91	5,23	-25,54	33,57	0,92
	FAZSAFRA	0,90	6,01	-30,03	32,16	0,89
	SAFRA	1,02	5,71	-32,16	32,07	0,89
	ZERO	0,25	4,52	-24,49	34,91	0,71
50	FAZNAS	0,67	4,70	-29,51	30,70	0,78
	FAZSAFRA	0,98	5,92	-30,46	41,87	0,93
	SAFRA	0,80	5,65	-28,00	31,77	0,89
	ZERO	0,15	4,46	-30,37	40,36	0,68
70	FAZNAS	0,65	4,77	-29,44	42,92	0,77
	FAZSAFRA	0,90	5,73	-28,60	40,20	0,87
	SAFRA	0,79	5,51	-33,64	44,02	0,88
	ZERO	0,19	4,44	-30,33	33,52	0,66

CONTROLE: análise com pais conhecidos; FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Analisando os gráficos de dispersão dos valores genéticos preditos pelos diferentes modelos, fica claro que a não inclusão dos grupos genéticos resulta em valores mais discordantes (Figuras 16, 17 e 18). Nota-se também, a semelhança de comportamento dos resultados preditos com FAZSAFRA e SAFRA. Apesar de FAZNAS apresentar alto valore de correlação de ranking considerando 30% dos animais sem informação de pai, o gráfico de dispersão para a estratégia ficou mais disperso que para as demais estratégias.

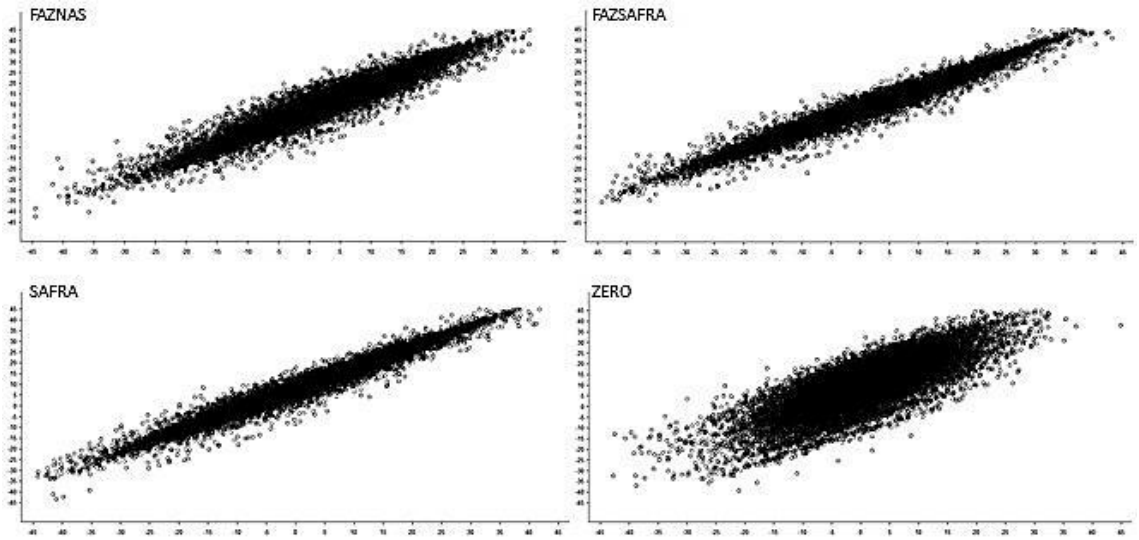

Figura 16 - Gráficos de dispersão entre o valor genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 30% dos animais com paternidade desconhecida

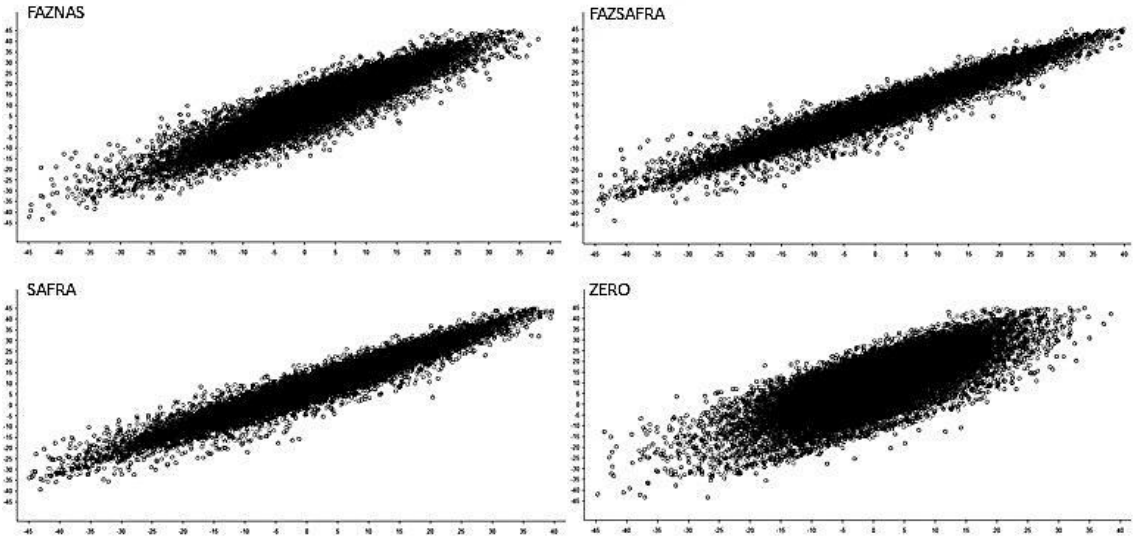

Figura 17 - Gráficos de dispersão entre o valor genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 50% dos animais com paternidade desconhecida

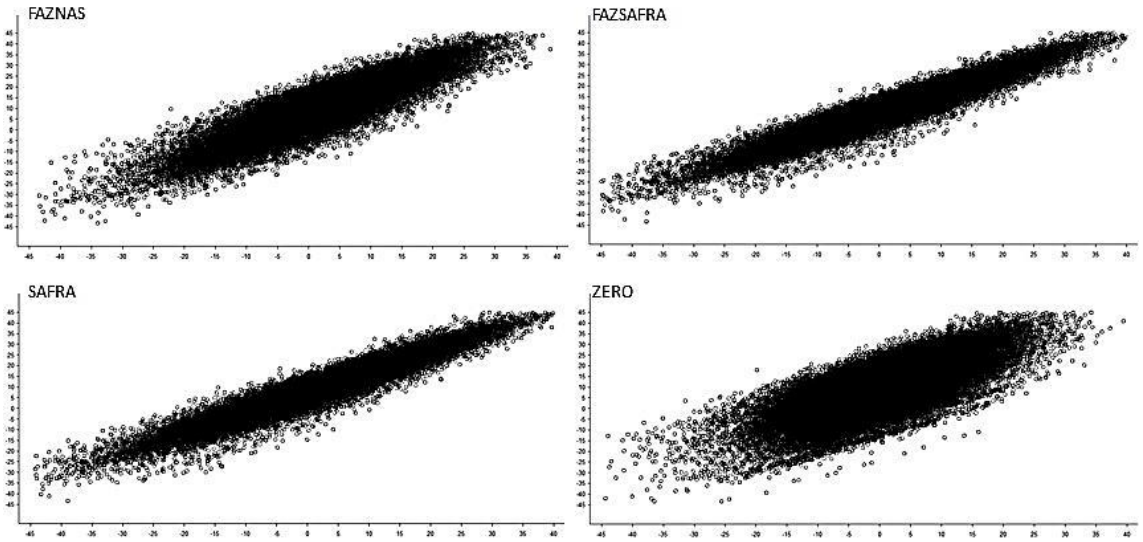

Figura 18 - Gráficos de dispersão entre o valor genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 70% dos animais com paternidade desconhecida

As acurácias dos valores genéticos preditos para a característica em questão apresentaram valores próximos, sendo mais subestimadas à medida que aumenta a proporção de pais desconhecidos. Maiores diferenças foram demonstradas apenas quando comparado o grupo controle com os demais, considerando os valores das acurácias para os animais da última safra (2009) e para touros (Tabela 35). Os resultados sugerem não haver diferença da precisão de predição dos valores genéticos entre as diferentes estratégias de grupos ou até mesmo quando esta é ignorada (ZERO).

A estratégia de SAFRA nos cenários 30 e 70% de pais desconhecidos não estimaram corretamente os valores das acurarias, provavelmente por erro computacional.

Tabela 35 – Acurácia média (desvio padrão) dos valores genéticos preditos para todos os animais (GE), touros (TO), animais da última safra (2009, US) e vacas (VA), considerando as análises controle e com a inclusão de grupos genéticos com 30, 50 ou 70% dos animais com paternidade desconhecida para a característica ganho de peso pós-desmame em 345 dias

Cenário (%)	Estratégia	GE	TO	US	VA
	CONTROLE	0,17 (0,10)	0,24 (0,05)	0,24 (0,03)	0,14 (0,10)
30	FAZNAS	0,15 (0,09)	0,19 (0,07)	0,20 (0,05)	0,13 (0,10)
	FAZSAFRA	0,15 (0,09)	0,18 (0,07)	0,20 (0,05)	0,13 (0,10)
	SAFRA	0,15 (0,09)	0,19 (0,07)	0,20 (0,05)	0,13 (0,10)
	ZERO	0,15 (0,09)	0,19 (0,07)	0,20 (0,05)	0,13 (0,10)
50	FAZNAS	0,14 (0,09)	0,17 (0,07)	0,18 (0,05)	0,12 (0,09)
	FAZSAFRA	0,14 (0,09)	0,17 (0,07)	0,18 (0,05)	0,12 (0,09)
	SAFRA	0,14 (0,09)	0,17 (0,07)	0,18 (0,05)	0,12 (0,09)
	ZERO	0,14 (0,09)	0,17 (0,07)	0,18 (0,05)	0,12 (0,09)
70	FAZNAS	0,13 (0,08)	0,16 (0,06)	0,16 (0,04)	0,11 (0,08)
	FAZSAFRA	0,12 (0,08)	0,15 (0,06)	0,16 (0,04)	0,11 (0,08)
	SAFRA	0,13 (0,08)	0,15 (0,06)	0,16 (0,04)	0,11 (0,08)
	ZERO	0,13 (0,08)	0,15 (0,06)	0,16 (0,04)	0,11 (0,08)

CONTROLE: análise com pais conhecidos; FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético; *: não convergiram.

6.3.4 Perímetro escrotal ao sobreano (PE18)

A característica PE18 dos 40.559 animais foi mensurada em onze fazendas no decorrer das vinte e seis safras consideradas. A estrutura de grupos que considerou a concatenação entre os dois fatores (FAZSAFRA) formou noventa e oito diferentes estruturas de grupo (Tabela 36). O maior número de grupos formados levou a uma menor média de indivíduos por grupo e grupos com apenas quatro, seis e nove animais, considerando 35, 50 3 70% de pais desconhecidos, respectivamente. Inversamente, a estrutura que resultou em menor número de grupos (FAZNAS) obteve uma maior média de animais por grupo.

Tabela 36 - Número de animais (N), mínimo (MÍN), máximo (MÁX) e média de indivíduos por estratégia de agrupamento, considerando 30, 50 e 70 % dos animais com paternidade desconhecida para a característica perímetro escrotal aos dezoito meses de idade

Cenário (%)	Estratégia	N	M	MIN	MAX
30	FAZNAS	11	1.106	16	6.236
	FAZSAFRA	98	124	4	513
	SAFRA	26	468	130	848
50	FAZNAS	11	1.843	22	10.475
	FAZSAFRA	98	206	6	850
	SAFRA	26	780	211	1.303
70	FAZNAS	11	2.581	28	14.694
	FAZSAFRA	98	289	9	1.179
	SAFRA	26	1.092	284	1.926

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal.

Os valores das correlações entre os valores genéticos referentes aos animais com registro de PE18, para as cinquenta diferentes amostragens, apresentaram pouca variabilidade, com valor médio próximo dos valores extremos. Não houve diferença expressiva entre as estratégias de agrupamento, ficando mais evidente apenas quando 70% dos animais tinham paternidade desconhecida (Tabela 37). A ausência de grupos genéticos proporcionou altos valores de correlação genética, mas ainda assim, continuou sendo inferior às demais estratégias.

Tabela 37 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos pela análise genética com ou sem grupos genéticos para perímetro escrotal aos dezoito meses de idade, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida

Cenário (%)	Estratégia	Correlações de Pearson			
		M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,98	0,001	0,98	0,98
	FAZSAFRA	0,98	0,001	0,98	0,98
	SAFRA	0,98	0,000	0,98	0,98
	ZERO	0,94	0,002	0,94	0,95
50	FAZNAS	0,96	0,001	0,96	0,96
	FAZSAFRA	0,97	0,001	0,97	0,97
	SAFRA	0,97	0,000	0,97	0,97
	ZERO	0,91	0,002	0,91	0,92
70	FAZNAS	0,94	0,001	0,94	0,95
	FAZSAFRA	0,96	0,001	0,95	0,96
	SAFRA	0,96	0,001	0,96	0,96
	ZERO	0,89	0,002	0,89	0,90

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Com base nos valores genéticos preditos com o modelo com ou sem a inclusão dos grupos genéticos, as alterações de ranking dos animais apresentaram a mesma tendência dos valores de Pearson (Tabela 38). Todas as estratégias resultaram em altas correlações, indicando não haver grandes diferenças nas predições dos valores genéticos, independentemente da estratégia e do cenário de pais desconhecidos estabelecido. Ainda assim, as correlações foram mais baixas quando os grupos genéticos foram desconsiderados nas análises (estratégia ZERO).

Tabela 38 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos pela análise genética com ou sem grupos genéticos para perímetro escrotal aos dezoito meses de idade, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida

Cenário (%)	Estratégia	Correlações de Spearman			
		M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,98	0,001	0,97	0,98
	FAZSAFRA	0,98	0,001	0,98	0,98
	SAFRA	0,98	0,000	0,98	0,98
	ZERO	0,94	0,002	0,93	0,94
50	FAZNAS	0,96	0,001	0,95	0,96
	FAZSAFRA	0,97	0,001	0,97	0,97
	SAFRA	0,97	0,000	0,97	0,97
	ZERO	0,91	0,002	0,90	0,91
70	FAZNAS	0,94	0,001	0,94	0,94
	FAZSAFRA	0,95	0,001	0,95	0,96
	SAFRA	0,96	0,001	0,96	0,96
	ZERO	0,89	0,002	0,88	0,89

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Foram mensurados 2.620 PE18 na safra referente ao ano de 2009. As correlações entre os valores genéticos preditos para esses animais foram altas, com valores iguais entre as diferentes estratégias de grupo, dentro de cada cenário de pais desconhecidos (Tabela 39). Isso sugere que, independentemente da estratégia adotada, os valores genéticos foram próximos aos preditos pelo modelo controle, onde todos os pais são conhecidos.

Tabela 39 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos para indivíduos da última safra –2009 – na análise genética com ou sem grupos genéticos para perímetro escrotal aos dezoito meses de idade, considerando 30, 50, 70% dos animais com paternidade desconhecida

Cenário (%)	Estratégia	Correlações de Pearson			
		M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,98	0,001	0,98	0,99
	FAZSAFRA	0,98	0,002	0,98	0,99
	SAFRA	0,98	0,001	0,98	0,99
	ZERO	0,98	0,001	0,98	0,98
50	FAZNAS	0,97	0,001	0,97	0,97
	FAZSAFRA	0,97	0,003	0,96	0,98
	SAFRA	0,97	0,001	0,97	0,98
	ZERO	0,97	0,001	0,96	0,97
70	FAZNAS	0,96	0,002	0,96	0,96
	FAZSAFRA	0,96	0,006	0,94	0,97
	SAFRA	0,96	0,001	0,96	0,97
	ZERO	0,96	0,001	0,95	0,96

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Da mesma forma, as correlações de ranking dos animais foram altas, com valores iguais quando 30% dos animais apresentaram pais desconhecidos (Tabela 40). Para os demais cenários, a correlação média com a estratégia ZERO foi ligeiramente menor, porém com valores máximos iguais aos com grupos genéticos, indicando não haver diferença entre considerar ou não os GG nas análises.

Tabela 40 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos para indivíduos da última safra – 2009 – na análise genética com ou sem grupos genéticos para perímetro escrotal aos dezoito meses de idade, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida

Cenário (%)	Estratégia	Correlações de Spearman			
		M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,98	0,001	0,98	0,98
	FAZSAFRA	0,98	0,002	0,98	0,99
	SAFRA	0,98	0,001	0,98	0,98
	ZERO	0,98	0,001	0,97	0,98
50	FAZNAS	0,97	0,002	0,97	0,97
	FAZSAFRA	0,97	0,003	0,96	0,97
	SAFRA	0,97	0,001	0,97	0,97
	ZERO	0,96	0,002	0,96	0,97
70	FAZNAS	0,96	0,002	0,96	0,96
	FAZSAFRA	0,96	0,006	0,94	0,96
	SAFRA	0,96	0,001	0,96	0,96
	ZERO	0,95	0,002	0,95	0,96

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

A eficiência de seleção dos melhores animais, com 30% de pais desconhecidos, foi de mesma magnitude para as diferentes técnicas de grupos genéticos (Tabela 41). Com 50% de pais ausentes, FAZSAFRA e SAFRA foram mais eficientes na seleção dos melhores animais, com aproximadamente 98% de similaridade com os escolhidos pelo modelo controle. A metodologia de SAFRA foi superior às demais no maior cenário de pais desconhecidos. As análises sem a inclusão de grupos (ZERO) obtiveram valores entre 93 a 96% de eficiência de seleção, sendo estes inferiores aos atingidos com o uso dos grupos genéticos.

Tabela 41 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos 10, 20 e 50% melhores animais para a característica: perímetro escrotal aos dezoito meses de idade, considerando 30 (GG30), 50 (GG50) e 70% (GG70) por cento dos animais com genealogia desconhecida

Estratégia	GG30				GG50				GG70			
	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX
10% melhores animais												
FAZNAS	98,6	0,08	98,4	98,7	97,5	0,09	97,4	97,8	96,6	0,11	96,3	96,8
FAZSAFRA	98,8	0,07	98,7	98,9	98,0	0,10	97,8	98,3	97,1	0,13	96,7	97,3
SAFRA	98,9	0,06	98,7	99,0	98,2	0,06	98,0	98,3	97,4	0,09	97,2	97,5
ZERO	96,6	0,17	96,3	96,9	94,9	0,19	94,5	95,3	93,7	0,19	93,2	94,2
20% melhores animais												
FAZNAS	98,6	0,08	98,4	98,7	97,6	0,08	97,4	97,7	96,6	0,10	96,3	96,9
FAZSAFRA	98,9	0,05	98,8	99,0	98,2	0,07	98,0	98,3	97,3	0,10	97,0	97,5
SAFRA	98,9	0,04	98,9	99,0	98,3	0,05	98,1	98,4	97,5	0,07	97,4	97,7
ZERO	96,6	0,12	96,3	96,9	94,9	0,19	94,5	95,3	93,6	0,17	93,2	94,0
50% melhores animais												
FAZNAS	98,8	0,06	98,7	98,9	97,8	0,08	97,7	98,0	97,0	0,08	96,8	97,2
FAZSAFRA	99,1	0,04	99,0	99,1	98,5	0,04	98,4	98,6	97,8	0,07	97,6	97,9
SAFRA	99,1	0,03	99,0	99,2	98,5	0,04	98,4	98,6	97,9	0,06	97,8	98,0
ZERO	96,8	0,11	96,5	97,0	95,2	0,14	94,9	95,6	94,1	0,13	93,8	94,4

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

A seleção dos melhores animais mensurados em 2009 foi coerente com o grupo controle considerando ou não as estruturas de grupos genéticos (Tabela 42). Todos os valores calculados foram altos, com eficiência seletiva variando entre 97,4 (top 10%, estratégia ZERO, 70% de pais desconhecidos) a 99,3% (top 50%, estratégias FAZSAFRA e SAFRA, 30% de pais desconhecidos).

Tabela 42 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos 10, 20 e 50% melhores animais da última safra – 2009 –, para a característica perímetro escrotal aos dezoito meses de idade, considerando 30 (GG30), 50 (GG50) e 70% (GG70) dos animais com paternidade desconhecida

Estratégia	GG30				GG50				GG70			
	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX
10% melhores animais												
FAZNAS	99,0	0,16	98,6	99,3	98,4	0,19	97,8	98,7	97,7	0,19	97,3	98,2
FAZSAFRA	99,0	0,21	98,3	99,4	98,4	0,27	97,8	99,0	97,5	0,59	95,3	98,5
SAFRA	99,0	0,14	98,7	99,3	98,4	0,18	98,1	98,9	97,8	0,18	97,4	98,3
ZERO	98,7	0,23	98,2	99,1	98,0	0,18	97,6	98,4	97,4	0,21	97,0	97,9
20% melhores animais												
FAZNAS	99,1	0,13	98,8	99,4	98,5	0,19	97,9	98,9	97,9	0,18	97,5	98,3
FAZSAFRA	99,0	0,21	98,4	99,5	98,4	0,20	98,0	98,8	97,6	0,40	96,3	98,1
SAFRA	99,1	0,11	98,9	99,4	98,6	0,16	98,2	98,9	98,0	0,16	97,6	98,4
ZERO	98,7	0,12	98,5	99,0	98,1	0,16	97,7	98,5	97,5	0,14	97,2	97,9
50% melhores animais												
FAZNAS	99,3	0,08	99,1	99,5	98,8	0,13	98,4	99,1	98,3	0,11	98,0	98,6
FAZSAFRA	99,3	0,09	99,0	99,5	98,8	0,14	98,4	99,0	98,2	0,23	97,6	98,6
SAFRA	99,3	0,10	99,1	99,6	98,9	0,08	98,7	99,1	98,4	0,10	98,2	98,6
ZERO	99,1	0,09	98,9	99,2	98,6	0,11	98,3	98,9	98,1	0,09	97,9	98,3

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Os coeficientes de regressão linear calculados entre os valores genéticos preditos demonstram que a estratégia ZERO subestimou, em maior intensidade, a predição dos valores genéticos (Tabela 43). Os resultados com FAZSAFRA e SAFRA foram similares e superiores aos atingidos com FAZNAS. Os desvios padrões sugerem pouca variação entre os resultados das diferentes amostragens de animais que tiveram a informação de pai apagada.

Tabela 43 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) relacionado ao coeficiente de regressão linear simples dos valores genéticos preditos pelo modelo (2) considerando 30, 50 ou 70% dos animais com pais desconhecidos, em função dos valores obtidos pelo modelo com pais conhecidos (1), para a característica perímetro escrotal aos dezoito meses de idade

Cenário (%)	Estratégia	M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,93	0,005	0,92	0,94
	FAZSAFRA	1,01	0,005	0,99	1,02
	SAFRA	1,00	0,003	0,99	1,01
	ZERO	0,85	0,004	0,84	0,86
50	FAZNAS	0,90	0,005	0,89	0,91
	FAZSAFRA	0,99	0,006	0,98	1,01
	SAFRA	0,98	0,007	0,97	1,00
	ZERO	0,81	0,003	0,81	0,82
70	FAZNAS	0,88	0,005	0,87	0,89
	FAZSAFRA	0,98	0,007	0,97	1,00
	SAFRA	0,97	0,008	0,94	0,99
	ZERO	0,79	0,003	0,79	0,80

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Confirmando os resultados dos coeficientes de regressão linear, os valores genéticos preditos para os animais sem informação paterna (ZERO) foram inferiores aos preditos na presença dos grupos genéticos. Todavia, como já observado, a média dos valores genéticos preditos para os animais com paternidade conhecida, foi superior às demais (Tabela 44). Com valores de desvio padrão similares entre as análises, a estrutura de grupo com SAFRA proporcionou estimativas de médias mais próximas à “verdadeira”, considerando 30 e 50% de animais com pai desconhecido. Contudo, quando 70% dos animais não apresentavam informação paterna, as três abordagens de grupo genético conduziram aos mesmos valores médios dos valores genéticos.

Tabela 44 - Valor médio (M), mínimo (MIN), máximo (MAX) e desvio padrão (DP) e correlação de Spearman (CORR) dos valores genéticos aditivo, referentes aos animais que perderam informação de pai (30, 50 e 70%) para a característica de perímetro escrotal aos dezoito meses de idade

Cenário (%)	Estratégia	M	DP	MIN	MAX	CORR
	CONTROLE	0,88	1,45	-7,81	6,67	--
30	FAZNAS	0,22	1,38	-7,31	5,80	0,94
	FAZSAFRA	0,23	1,50	-6,39	5,97	0,95
	SAFRA	0,27	1,49	-6,23	5,90	0,95
	ZERO	0,11	1,30	-5,79	5,62	0,89
50	FAZNAS	0,23	1,35	-5,49	6,19	0,96
	FAZSAFRA	0,24	1,48	-8,17	6,14	0,95
	SAFRA	0,27	1,50	-8,06	6,18	0,95
	ZERO	0,08	1,28	-5,74	5,62	0,87
70	FAZNAS	0,23	1,36	-6,58	5,90	0,92
	FAZSAFRA	0,23	1,51	-7,48	6,14	0,94
	SAFRA	0,23	1,48	-7,53	6,10	0,94
	ZERO	0,08	1,28	-6,25	5,60	0,86

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

A correlação de Spearman demonstrou similaridade entre os resultados estimados para as estruturas de grupo com FAZSAFRA e SAFRA. No cenário de 50% dos animais com pai desconhecido, os grupos genéticos formados por FAZNAS resultaram em valores mínimos e máximos mais próximos aos preditos pelo modelo controle, refletindo no maior valor de correlação. A estratégia ZERO obteve valores genéticos mais discrepantes dos preditos pelo modelo com pais conhecidos.

Gráficos de dispersão dos valores genéticos preditos com ou sem a inclusão dos grupos genéticos foram formados para facilitar a visualização dos resultados (Figuras 19, 20 e 21).

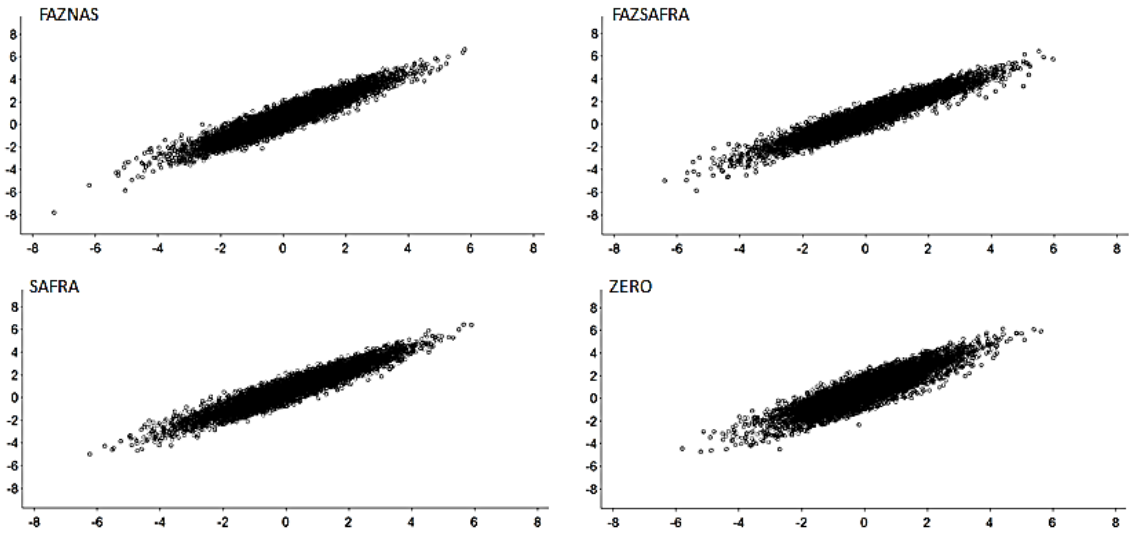

Figura 19 - Gráficos de dispersão entre o valor genético controle e os preditos s com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 30% dos animais com paternidade desconhecida

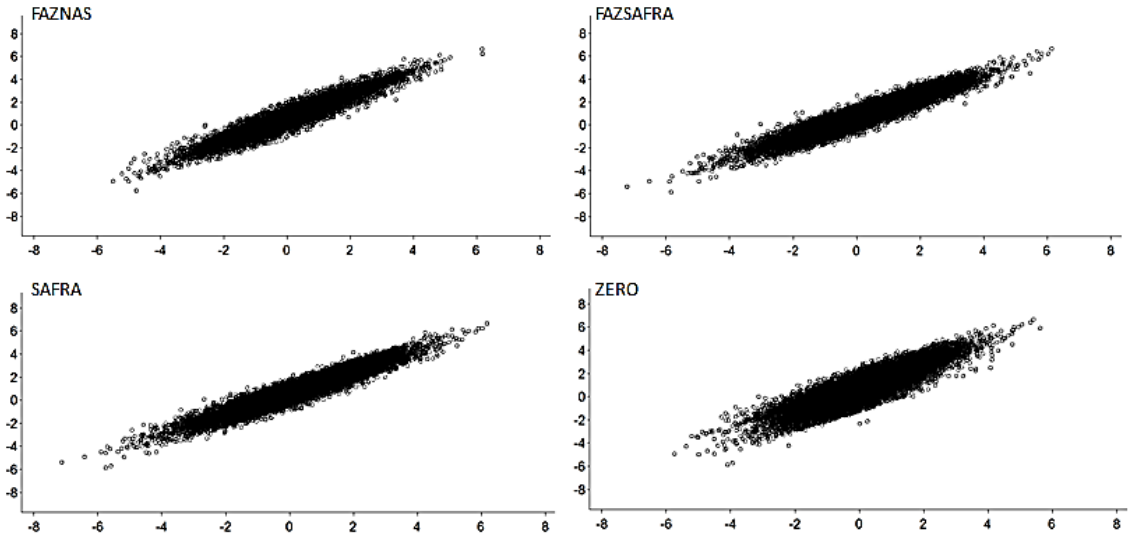

Figura 20 - Gráficos de dispersão entre o valor genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 50% dos animais com paternidade desconhecida

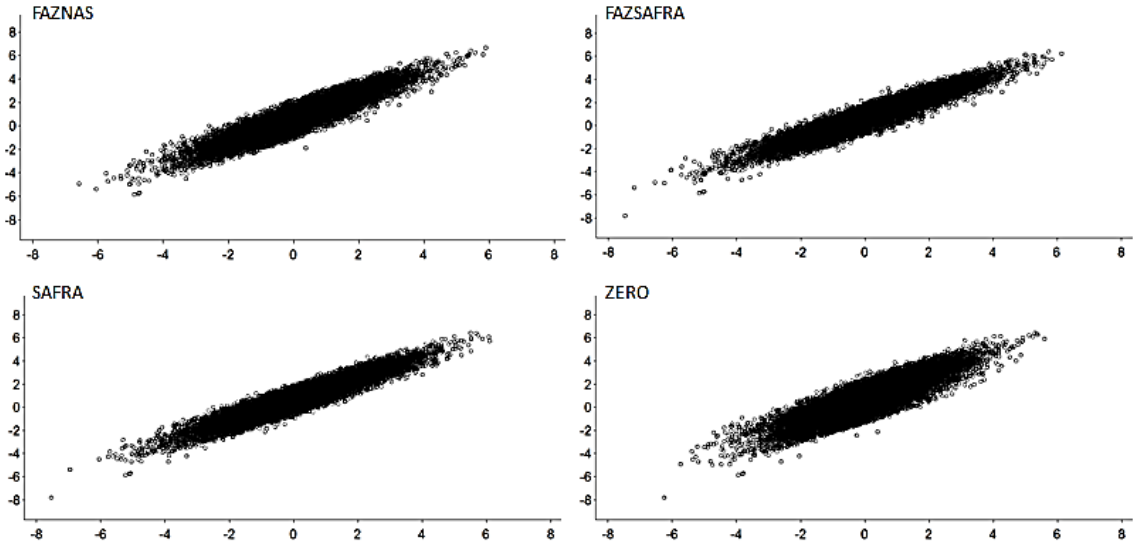

Figura 21 - Gráficos de dispersão entre o valor genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 70% dos animais com paternidade desconhecida

Os valores médios das acurácias dos valores genéticos preditos com a presença dos GG ficaram próximos aos da análise controle (Tabela 45). A maior diferença ficou nas análises que considerou apenas os valores genéticos dos touros, assim como demostrados nas demais características discutidas. Entre os grupos genéticos e destes com a estratégia ZERO não houve diferença nos valores médios das acurácias.

Tabela 45 - Acurácia média (desvio padrão) dos valores genéticos preditos para todos os animais (GE), para touros (TO), animais da última safra (2009, US) e vacas (VA), considerando as análises controle e com a inclusão de grupos genéticos com 30, 50 ou 70% dos animais com paternidade desconhecida para a característica perímetro escrotal aos dezoito meses de idade

Cenário (%)	Estratégia	GE	TO	US	VA
	CONTROLE	0,23 (0,14)	0,32 (0,08)	0,34 (0,02)	0,11 (0,09)
30	FAZNAS	0,20 (0,13)	0,27 (0,10)	0,32 (0,03)	0,11 (0,10)
	FAZSAFRA	0,20 (0,13)	0,26 (0,10)	0,32 (0,03)	0,12 (0,10)
	SAFRA	0,22 (0,13)	0,29 (0,10)	0,33 (0,03)	0,12 (0,10)
	ZERO	0,22 (0,13)	0,29 (0,10)	0,33 (0,03)	0,12 (0,10)
50	FAZNAS	0,21 (0,13)	0,27 (0,09)	0,32 (0,03)	0,11 (0,10)
	FAZSAFRA	0,21 (0,13)	0,27 (0,10)	0,32 (0,03)	0,12 (0,10)
	SAFRA	0,21 (0,13)	0,27 (0,09)	0,32 (0,03)	0,12 (0,10)
	ZERO	0,21 (0,13)	0,27 (0,10)	0,32 (0,03)	0,12 (0,10)
70	FAZNAS	0,20 (0,12)	0,27 (0,09)	0,31 (0,02)	0,11 (0,09)
	FAZSAFRA	0,18 (0,12)	0,24 (0,09)	0,29 (0,03)	0,10 (0,09)
	SAFRA	0,20 (0,12)	0,26 (0,09)	0,31 (0,02)	0,11 (0,10)
	ZERO	0,20 (0,12)	0,26 (0,09)	0,31 (0,03)	0,11 (0,10)

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

2 Escore visual de musculosidade ao sobreano (MUSC18)

O banco de dados utilizado para a característica MUSC18 continha registros de escores de animas nascidos entre 1989 a 2009, em doze diferentes fazendas. Com isso foram formados 21 grupos genéticos aditivos (GG) pela estratégia safra de nascimento e doze GG por fazenda de nascimento. A concatenação das duas estratégias (FAZSAFRA) conduziu a 87 estruturas de GG. Com esse número de grupos, FAZSAFRA obteve grupos com apenas um animal, nos três cenários de pais desconhecidos (Tabela 46).

O número de informações consideradas em MUSC18 (79.148) foi bem maior do que para a característica de perímetro escrotal (40.559). Isso refletiu em um maior número médio e maior número máximo de animais por grupo. Em contra partida, o mínimo de indivíduos por grupo foi maior em PE18, exceto para estrutura SAFRA.

Tabela 46 - Número de grupos formados (N), média (M), mínimo (MIN) e máximo (MAX) de indivíduos por estratégia de agrupamento, considerando os cenários de 30, 50 e 70 % dos animais com paternidade desconhecida para a característica escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade

Cenário (%)	Estratégia	N	M	MIN	MAX
30	FAZNAS	12	1.978	2	11.719
	FAZSAFRA	87	272	1	1.079
	SAFRA	21	1.130	207	1.551
50	FAZNAS	12	3.297	17	19.673
	FAZSAFRA	87	424	1	1.706
	SAFRA	21	1.884	354	2.602
70	FAZNAS	12	4.617	23	27.469
	FAZSAFRA	87	636	1	2.367
	SAFRA	21	2.638	529	3.653

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal.

A correlação entre os valores genéticos preditos com a estrutura ZERO seguiu o padrão demonstrado nas demais características, com valores inferiores aos estimados com o uso das estruturas de grupos genético. As correlações, no geral, foram inferiores às descritas em PE18, mas apresentaram comportamentos similares

de variação entre estratégias. Os grupos de FAZSAFRA e SAFRA atingiram valores próximos de correlações com o grupo controle, com resultados superiores aos estimados para o grupo de FAZNAS, principalmente com 50 e 70% de pais desconhecidos (Tabela 47).

Os valores extremos de correlações foram próximos, com desvios padrão pequenos entre os resultados das diferentes amostragens, independentemente da porcentagem de pais desconhecidos.

As correlações de ranking (Spearman) resultaram em valores ligeiramente inferiores aos das correlações de Pearson, porém com o mesmo padrão de proximidade do grupo controle (Tabela 48).

Tabela 47 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos pela análise genética com ou sem grupos genéticos para escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida

Cenário (%)	**Estratégia**	**Correlações de Pearson**			
		M	**DP**	**MIN**	**MAX**
30	FAZNAS	0,93	0,002	0,93	0,94
	FAZSAFRA	0,96	0,001	0,95	0,96
	SAFRA	0,96	0,001	0,96	0,96
	ZERO	0,89	0,003	0,88	0,89
50	FAZNAS	0,87	0,003	0,87	0,88
	FAZSAFRA	0,93	0,002	0,92	0,93
	SAFRA	0,93	0,002	0,93	0,93
	ZERO	0,82	0,005	0,81	0,83
70	FAZNAS	0,83	0,004	0,82	0,83
	FAZSAFRA	0,89	0,004	0,88	0,90
	SAFRA	0,90	0,003	0,89	0,90
	ZERO	0,77	0,004	0,76	0,78

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Tabela 48 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos pela análise genética com ou sem grupos genéticos para escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade, considerando 30, 50 e 70% de paternidade desconhecida

Cenário (%)	Estratégia	Correlações de Spearman			
		M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,92	0,002	0,92	0,93
	FAZSAFRA	0,95	0,001	0,95	0,95
	SAFRA	0,95	0,001	0,95	0,95
	ZERO	0,87	0,004	0,86	0,87
50	FAZNAS	0,85	0,004	0,84	0,86
	FAZSAFRA	0,92	0,002	0,91	0,92
	SAFRA	0,92	0,002	0,91	0,92
	ZERO	0,79	0,005	0,78	0,81
70	FAZNAS	0,80	0,004	0,79	0,81
	FAZSAFRA	0,88	0,004	0,87	0,89
	SAFRA	0,88	0,003	0,88	0,89
	ZERO	0,73	0,004	0,73	0,74

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

A safra de 2009 registrou escore de musculosidade de 5.076 animais aos dezoito meses de idade. Pouca variação foi observada entre os resultados obtidos entre as diferentes amostragens. As análises com pais desconhecidos (ZERO) proporcionaram altas correlações com o grupo controle, mas continuaram inferiores as que incluíram os GG no modelo (Tabela 49). A correlação de ranking entre os animais nascidos na última safra foi semelhante à correlação dos valores genéticos (Tabela 50).

Tabela 49 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos para indivíduos da última safra – 2009 – na análise genética com ou sem grupos genéticos para escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida

Cenário (%)	Estratégia	Correlações de Pearson			
		M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,93	0,003	0,93	0,94
	FAZSAFRA	0,94	0,005	0,92	0,95
	SAFRA	0,95	0,003	0,94	0,96
	ZERO	0,92	0,002	0,92	0,93
50	FAZNAS	0,90	0,004	0,89	0,91
	FAZSAFRA	0,91	0,007	0,88	0,92
	SAFRA	0,92	0,003	0,91	0,92
	ZERO	0,89	0,004	0,87	0,89
70	FAZNAS	0,86	0,005	0,85	0,87
	FAZSAFRA	0,87	0,010	0,84	0,89
	SAFRA	0,88	0,003	0,88	0,89
	ZERO	0,85	0,003	0,85	0,86

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Tabela 50 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) das correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos para indivíduos da última safra – 2009 – na análise genética com ou sem grupos genéticos para escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade, considerando 30, 50 e 70% dos animais com paternidade desconhecida

Cenário (%)	Estratégia	Correlações de Spearman			
		M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,93	0,003	0,92	0,94
	FAZSAFRA	0,94	0,005	0,93	0,95
	SAFRA	0,95	0,003	0,94	0,95
	ZERO	0,91	0,003	0,91	0,92
50	FAZNAS	0,89	0,004	0,88	0,90
	FAZSAFRA	0,91	0,006	0,88	0,92
	SAFRA	0,91	0,004	0,91	0,92
	ZERO	0,88	0,004	0,87	0,89
70	FAZNAS	0,85	0,004	0,84	0,86
	FAZSAFRA	0,87	0,010	0,85	0,88
	SAFRA	0,88	0,003	0,87	0,89
	ZERO	0,85	0,003	0,84	0,85

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

A eficiência de seleção dos melhores animais com os grupos genéticos de SAFRA foi superior, tanto quando considerado toda população quanto apenas os animais provenientes da última safra. A técnica com FAZSAFRA proporcionou resultados próximos aos com SAFRA, sendo mais eficientes que os preditos com a estrutura de FAZNAS (Tabela 51). Esta última ficou próxima da eficiência seletiva com ZERO, principalmente nas análises dos animais da última safra estudada (Tabela 52).

Tabela 51 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos 10, 20 e 50% melhores animais para a característica: escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade, considerando 30 (GG30), 50 (GG50) e 70% (GG70) dos animais com paternidade desconhecida

Estratégia	GG30				GG50				GG70			
	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX
10% melhores animais												
FAZNAS	96,4	0,17	96,0	96,7	93,5	0,26	92,9	94,0	90,7	0,24	90,3	91,2
FAZSAFRA	97,3	0,12	96,9	97,5	95,6	0,16	95,0	95,9	93,7	0,29	92,8	94,2
SAFRA	97,6	0,08	97,4	97,7	95,9	0,14	95,4	96,2	94,3	0,22	93,7	94,6
ZERO	94,5	0,24	93,8	94,9	91,3	0,35	90,4	91,9	88,4	0,28	87,9	89,0
20% melhores animais												
FAZNAS	95,9	0,15	95,6	96,2	92,5	0,23	92,1	93,0	89,7	0,25	89,1	90,1
FAZSAFRA	97,4	0,10	97,1	97,6	95,6	0,12	95,4	95,9	93,7	0,27	92,8	94,2
SAFRA	97,5	0,06	97,4	97,7	95,8	0,12	95,4	96,0	94,0	0,21	93,5	94,5
ZERO	93,5	0,25	92,9	94,1	89,9	0,34	89,0	90,5	86,7	0,26	86,3	87,4
50% melhores animais												
FAZNAS	95,8	0,12	95,6	96,0	92,3	0,19	91,8	92,8	89,6	0,21	89,1	90,0
FAZSAFRA	97,5	0,06	97,4	97,7	95,8	0,14	95,5	96,1	93,9	0,24	93,1	94,4
SAFRA	97,6	0,06	97,4	97,7	95,9	0,13	95,6	96,1	94,1	0,19	93,8	94,5
ZERO	93,0	0,20	92,4	93,4	89,3	0,25	88,7	89,8	86,2	0,22	85,8	86,7

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Tabela 52 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), valor mínimo (MIN) e máximo (MAX) da eficiência (%) na seleção dos 10, 20 e 50% melhores animais da última safra – 2009 –, para a característica: escore de musculosidade aos dezoito meses, considerando 30 (GG30), 50 (GG50) e 70% dos animais com paternidade desconhecida

Estratégia	GG30				GG50				GG70			
	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX	M	DP	MIN	MAX
10% melhores animais												
FAZNAS	97,0	0,34	96,0	97,8	95,2	0,44	94,0	96,2	93,2	0,53	92,0	94,5
FAZSAFRA	97,2	0,56	95,2	97,8	95,3	0,66	93,4	96,6	93,5	0,57	92,1	94,5
SAFRA	97,5	0,33	96,9	98,3	95,8	0,32	95,1	96,7	94,2	0,40	93,4	94,9
ZERO	96,5	0,30	96,0	97,2	94,7	0,35	93,6	95,7	93,0	0,37	92,4	94,0
20% melhores animais												
FAZNAS	97,2	0,24	96,6	97,9	95,5	0,29	95,0	96,4	93,9	0,35	93,0	94,5
FAZSAFRA	97,5	0,34	96,3	98,1	96,0	0,34	95,2	96,6	94,3	0,49	92,7	95,0
SAFRA	97,8	0,22	97,3	98,3	96,4	0,23	95,9	97,0	95,0	0,24	94,5	95,5
ZERO	96,6	0,19	96,2	97,1	95,1	0,28	94,3	95,7	93,6	0,26	93,0	94,3
50% melhores animais												
FAZNAS	97,7	0,14	97,4	98,0	96,5	0,16	96,1	96,9	95,3	0,18	94,9	95,8
FAZSAFRA	98,1	0,19	97,6	98,4	97,0	0,23	96,3	97,5	95,8	0,32	94,9	96,2
SAFRA	98,3	0,12	98,1	98,6	97,2	0,17	96,8	97,5	96,1	0,17	95,8	96,5
ZERO	97,2	0,13	96,9	97,5	96,1	0,16	95,7	96,4	95,0	0,14	94,6	95,3

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Os coeficientes de regressão linear entre os valores genéticos preditos pelos modelos com FAZSAFRA ou SAFRA e os valores preditos com pais conhecidos foram próximos e superiores aos estimados pelas outas estratégias. No geral, as análises com GG acarretaram em menores valores genéticos que os prédios com pedigree completo. Porém, ao ignorar a metodologia de GG (ZERO) os coeficientes de regressão foram menores que os calculados para as estruturas de grupo (Tabela 53).

Tabela 53 - Valor médio (M), desvio padrão (DP), mínimo (MIN) e máximo (MAX) relacionado ao coeficiente de regressão linear simples dos valores genéticos preditos pelo modelo (2) considerando 30, 50 ou 70% dos animais com pais desconhecidos, em função dos valores obtidos pelo modelo com pais conhecidos (1), para a característica escore visual de musculosidade aos dezoito meses de idade

Cenário (%)	Estratégia	M	DP	MIN	MAX
30	FAZNAS	0,81	0,007	0,80	0,83
	FAZSAFRA	0,94	0,009	0,92	0,96
	SAFRA	0,93	0,009	0,90	0,95
	ZERO	0,72	0,006	0,71	0,73
50	FAZNAS	0,72	0,007	0,70	0,73
	FAZSAFRA	0,87	0,011	0,85	0,90
	SAFRA	0,85	0,010	0,84	0,88
	ZERO	0,64	0,007	0,63	0,66
70	FAZNAS	0,66	0,007	0,64	0,67
	FAZSAFRA	0,83	0,014	0,79	0,86
	SAFRA	0,81	0,014	0,78	0,84
	ZERO	0,58	0,005	0,58	0,60

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Os valores genéticos preditos para os animais sem informação paterna foram subestimados, corroborando com os valores dos coeficientes de regressão linear. O nível de variação entre os resultados foram semelhantes, com desvios padrão próximos ao relatado para o grupo controle. Os resultados das correlações de ranking entre o grupo controle e as estratégias de FAZSAFRA ou SAFRA foram, mais uma vez, próximos e superiores as demais. A mudança de posições entre os animais no ranking foi mais acentuada quando as estratégias de GG não foram incluídas nos modelos estatísticos (ZERO, Tabela 54).

Tabela 54 - Valor médio (M), mínimo (MIN), máximo (MAX) e desvio padrão (DP) e correlação de Spearman (CORR) dos valores genéticos aditivo, referentes aos animais que perderam informação de pai (30, 50 e 70%) para a característica de escore de musculosidade aos dezoito meses de idade

Cenário (%)	Estratégia	M	DP	MIN	MAX	CORR
	CONTROLE	0,16	0,25	-0,77	1,36	--
30	FAZNAS	0,04	0,22	-1,11	1,13	0,92
	FAZSAFRA	0,05	0,24	-1,25	1,25	0,95
	SAFRA	0,04	0,24	-1,05	1,27	0,95
	ZERO	0,03	0,20	-0,96	1,01	0,87
50	FAZNAS	0,03	0,20	-1,16	1,10	0,85
	FAZSAFRA	0,04	0,23	-1,39	1,22	0,92
	SAFRA	0,04	0,23	-1,11	1,20	0,92
	ZERO	0,02	0,19	-0,89	0,97	0,79
70	FAZNAS	0,03	0,20	-1,35	1,04	0,80
	FAZSAFRA	0,04	0,23	-1,55	1,20	0,88
	SAFRA	0,04	0,22	-1,21	1,13	0,88
	ZERO	0,01	0,19	-0,84	0,96	0,73

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético.

Os gráficos plotados com os valores genéticos dos animais que perderam a informação paterna demostram pontos mais agrupados para FAZSAFRA e SAFRA e, nuvens mais esparsas para FAZNAS e ZERO (Figuras 22, 23 e 24). Estes resultados estão de acordo com os valores de correlação de Spearman.

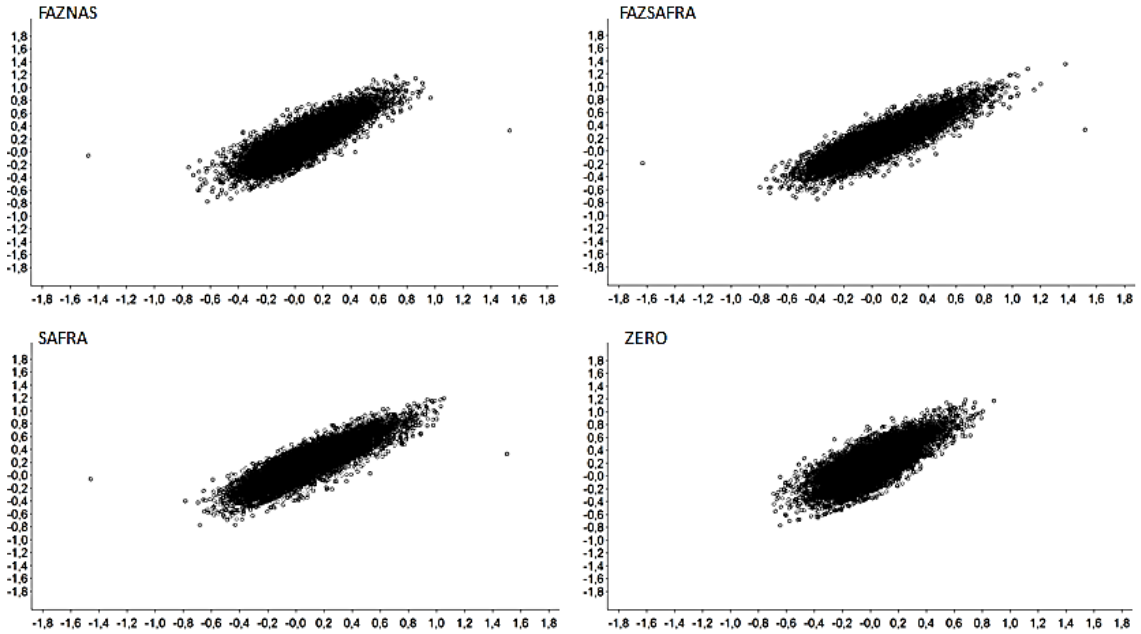

Figura 22 – Gráficos de dispersão entre o valor genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 30% dos animais com paternidade desconhecida

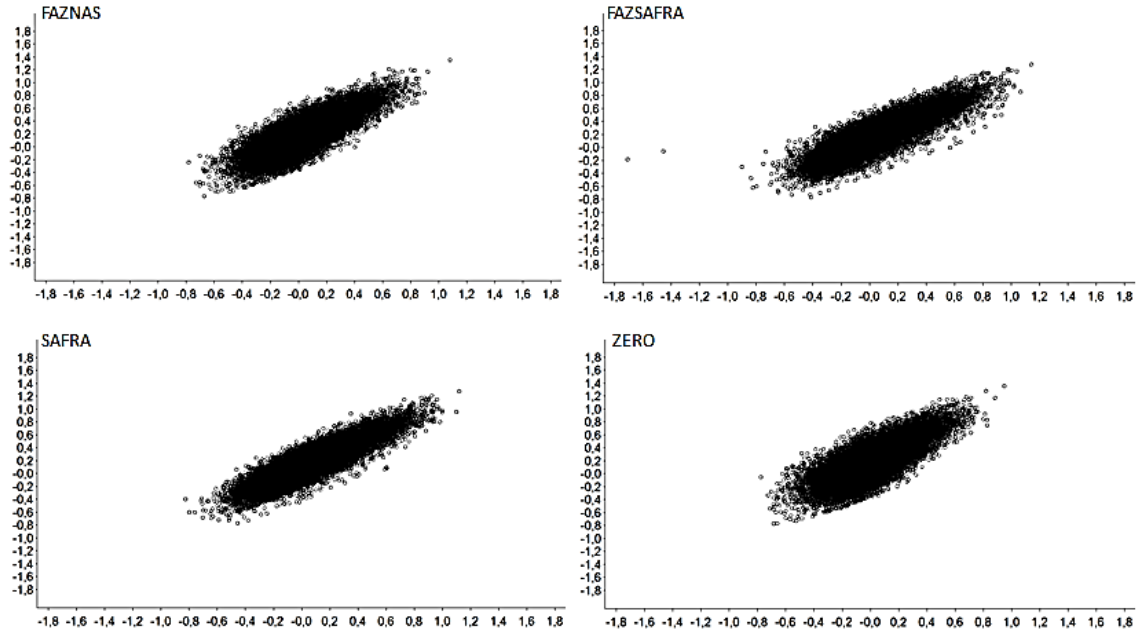

Figura 23 - Gráficos de dispersão entre o valor genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 50% dos animais com paternidade desconhecida

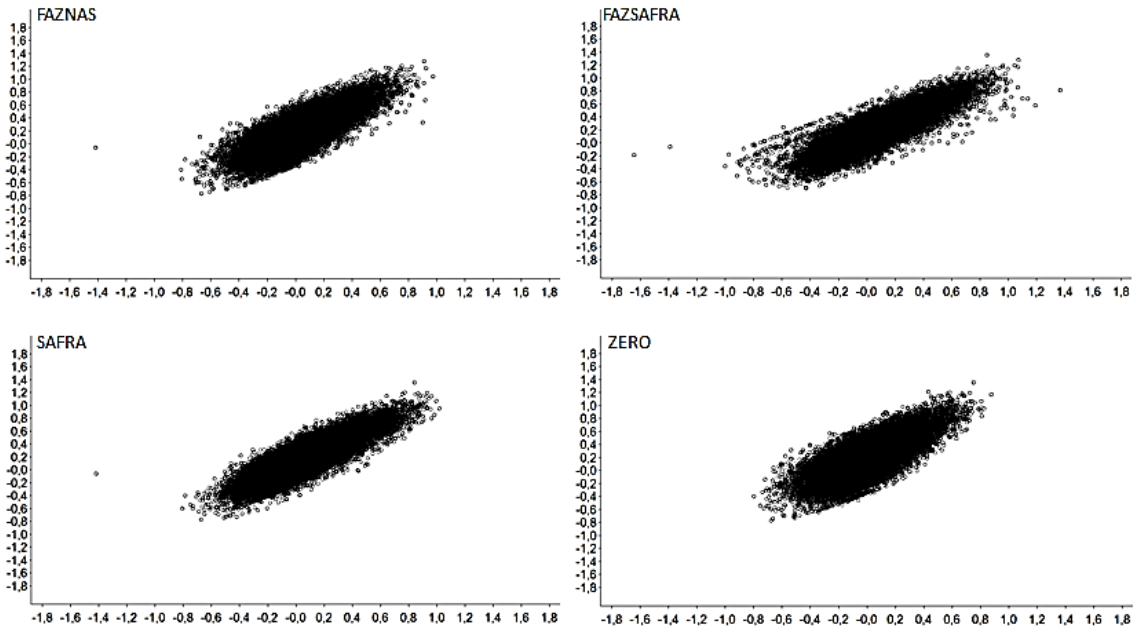

Figura 24 - Gráficos de dispersão entre o valor genético controle e os preditos com FAZNAS, FAZSAFRA, SAFRA e ZERO, considerando 70% dos animais com paternidade desconhecida

As estratégias de grupos genéticos não se diferenciaram pelos valores médios das acurarias referentes a predição dos valores genéticos. As análises sem GG (ZERO) também demonstraram médias iguais as com a inclusão da metodologia, sugerindo não existir diferença na precisão de predição dos valores genéticos com paternidade ausente, independentemente da proporção assumida (Tablea 55).

A análise com a estrutura de grupo genético de SAFRA, no cenário com 50% dos animais sem informação paterna, não geraram resultados coerentes, sugerindo erro computacional.

Tabela 55 - Acurácia média (desvio padrão) dos valores genéticos preditos para todos os animais (GE), touros (TO), animais da última safra (2009, US) e vacas (VA), considerando as análises controle e com a inclusão de grupos genéticos com 30, 50 ou 70% dos animais com paternidade desconhecida para a característica escore de musculosidade aos dezoito meses de idade

Cenário (%)	Estratégia	GE	TO	US	VA
	CONTROLE	0,17 (0,10)	0,23 (0,05)	0,23 (0,03)	0,14 (0,10)
30	FAZNAS	0,15 (0,09)	0,19 (0,07)	0,20 (0,05)	0,13 (0,10)
	FAZSAFRA	0,11 (0,08)	0,14 (0,07)	0,15 (0,05)	0,09 (0,09)
	SAFRA	0,15 (0,09)	0,18 (0,07)	0,20 (0,05)	0,13 (0,10)
	ZERO	0,15 (0,09)	0,18 (0,07)	0,20 (0,05)	0,13 (0,10)
50	FAZNAS	0,14 (0,09)	0,17 (0,07)	0,18 (0,05)	0,12 (0,09)
	FAZSAFRA	0,13 (0,09)	0,16 (0,07)	0,17 (0,05)	0,11 (0,09)
	SAFRA	0,13 (0,09)	0,16 (0,07)	0,17 (0,05)	0,11 (0,09)
	ZERO	0,14 (0,09)	0,17 (0,07)	0,19 (0,05)	0,12 (0,09)
70	FAZNAS	0,12 (0,08)	0,15 (0,06)	0,16 (0,04)	0,11 (0,08)
	FAZSAFRA	0,12 (0,08)	0,14 (0,06)	0,15 (0,04)	0,10 (0,08)
	SAFRA	0,11 (0,07)	0,14 (0,06)	0,15 (0,04)	0,10 (0,08)
	ZERO	0,12 (0,08)	0,15 (0,06)	0,16 (0,04)	0,11 (0,08)

FAZNAS: fazenda de nascimento do animal; FAZSAFRA: fazenda e safra de nascimento do animal; SAFRA: safra de nascimento do animal; ZERO: ausência de grupo genético; *: não convergiram.

7 Conclusão

Os resultados mostraram que a estratégia de utilizar grupos genéticos aditivos implica em uma melhora na predição genética dos animais com paternidade incompleta. Ressalta-se que essa estratégia não substitui a identificação correta de paternidade, apenas contorna o problema gerado pelo uso de reprodutores múltiplos.

Os resultados ainda permitem concluir que a melhor estratégia entre as que foram propostas foi a que utilizou safra de nascimento dos animais com paternidade desconhecida (SAFRA). Mesmo que esta tenha resultado em valores próximos aos da estratégia que concatenou fazenda e safra de nascimento (FAZSAFRA), foi a mais eficiente na seleção dos melhores animais.

Referências

ANUALPEC 2012: Anuário da Pecuária de Corte. **Instituto FNP Consultoria & Comércio**, São Paulo, Brasil.

ASBIA,2011. Relatório Estatístico de Produção, Importação e Comercialização de Sêmen. **Associação Brasileira de Inseminação Artificial**. Disponível em: http://www.asbia.org.br/novo/upload/mercado/relatorio2011.pdf >. Acesso em: 15 out. de 2012

AMARAL, T. B.; COSTA, F. P.; CORRÊA, E. S. **Touros melhoradores ou inseminação artificial: um exercício de avaliação econômica**. Embrapa Gado de Corte, 2003.

BARROS, G. S.A. C; SILVA, A. F.; FACHINELLO, A. L. AGRONEGÓCIO FECHA 2011 COM ALTA DE 5,73%. **Centro de Estudos Avançados em Economia Aplicada (CEPEA)**. Disponível em: http://www.cepea.esalq.usp.br/comunicacao/Cepea_PIB_BR_dez_2011.pdf>. Acesso em: 15 nov. 2012.

BERTAZZO, R. P. et al. Parâmetros genéticos de longevidade e produtividade de fêmeas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia,** v. 33, n. 5, p. 1118-1127, 2004.

BOLDMAN, K. G. et al. A manual for use of MTDFREML. **A set of programs to obtain estimates of variance and covariances.** ARS, USDA, Washington, DC, 1995.

BOLIGON, A. A. et al. Study of relations among age at first calving, average weight gains and weights from weaning to maturity in Nellore cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia,** v. 39, n. 4, p. 746-751, 2010.

BOLIGON, A. A.; CARVALHEIRO, R.; ALBUQUERQUE, L. G. Evaluation of mature cow weight: genetic correlations with traits used in selection indices, correlated responses and genetic trends in Nelore cattle. **Journal of animal science**, 2012.

BOUQUET, A.; RENAND, G.; PHOCAS, F. A definition of unknown parent groups based on bull usage patterns across herds. **Animal: an International Journal of Animal Bioscience,** v. 5, n. 3, p. 337, 2010.

CALLEGARI JACQUES, S. M. **Bioestatística: princípios e aplicações;** Biostatistics: principles and applications**,** p.90, Artmed, 2003.

CANTET, R. J. C. et al. Estimates of dispersion parameters and of genetic and environmental trends for weaning weight in Angus cattle using a maternal animal model with genetic grouping. **Livestock Production Science,** v. 34, n. 3, p. 203-212, 1993.

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

CARDOSO, F.F., TEMPELMAN, R.J. Bayesian inference on genetic merit under uncertain paternity. **Genetics Seletion Evolution**, v. 35, p. 469–487, 2003.

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

CARDOSO, F.F.; SHIOTSUKI, L.; TEMPELMAN, R.J. Metodologia para estimação do mérito genético de animais com paternidade incerta sob inferência bayesiana. **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento da Embrapa Pecuária Sul**, Bagé-RS, v.32, 2008. Disponível em: <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/handle/doc/228687>. Acesso em 27 fev. 2013.

CARDOSO, V. et al. Formando lotes uniformes de reprodutores múltiplos e usando-os em acasalamentos dirigidos, em populações Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia,** v. 32, n. 4, p. 834-842, 2003.

CASELLAS, J.; PIEDRAFITA, J.; VARONA, L. Bayes factor for testing between different structures of random genetic groups: A case study using weaning weight in Bruna dels Pirineus beef cattle. **Genetics Seletion Evolution,** v. 39, p. 39-53, 2006.

COULTER, G. H.; KOZUB, G. C. Efficacy of methods used to test fertility of beef bulls used for multiple-sire breeding under range conditions. **Journal of animal science,** v. 67, n. 7, p. 1757-1766, 1989.

DE SOUZA, J. C. et al. Estimates of genetic parameters and evaluation of genotype x environment interaction for weaning weight in Nellore cattle. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal,** v. 11, n. 2, 2005.

ELER, J. P. et al. Additive genetic relationships between heifer pregnancy and scrotal circumference in Nellore cattle. **Journal of Animal Science,** v. 82, n. 9, p. 2519-2527, 2004.

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

FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P. Seleção de zebuínos para características produtivas. **Grupo de Melhoramento Animal Universidade de São Paulo-Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos**, 1999.

FORNI, S.; FEDERICI, J. F.; ALBUQUERQUE, L. G. Tendências genéticas para escores visuais de conformação, precocidade e musculatura à desmama de bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia,** v. 36, n. 3, p. 572-577, 2007.

FOULLEY, J. L.; GIANOLA, D.; PLANCHENAULT, D. Sire evaluation with uncertain paternity. **Genetics, Selection, Evolution**, v.19, p. 83-102, 1987.

GASQUES, J. G. et al. Projeções do Agronegócio 2009/10 a 2019/20. **48º Congresso SOBER - Sociedade Brasileira de Economia, Administração e Sociologia Rural**, p. 1-21, 2010.

GOLDEN, B. L.; BOURDON, R. M.; SNELLING, W. M. Additive genetic groups for animals evaluated in more than one breed association national cattle evaluation. **Journal of animal science,** v. 72, n. 10, p. 2559-2567, 1994.

GONSALVES, P. B. D.; DE FIGUEIRÊDO FREITAS, V. J. **Biotécnicas aplicadas à reprodução animal**. Varela, 2002.

GROENEVELD, E.; KOVAC, M.; WANG, T. PEST, a general purpose BLUP package for multivariate prediction and estimation. **Proceedings of the 4th World Congress on Genetics applied to Livestock Production**, Edinburgh 23-27 July 1990. XIII. Plenary lectures, molecular genetics and mapping, selection, prediction and estimation., 1990. p.488-491.

HARVILLE, D. A. Maximum likelihood approaches to variance component estimation and to related problems. **Journal of the American Statistical Association,** v. 72, n. 358, p. 320-338, 1977.

HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. **Proceedings of the animal breeding and genetics symposium in honor of Dr J. Lush**, p.10-41, 1973.

_____. Best Linear Unbiased Prediction of Breeding Values Not in the Model for Records. **Journal of Dairy Science,** v. 60, n. 5, p. 783-787, 1977.

_____. Use of an average numerator relationship matrix for multiple-sire joining. **Journal of Animal Science**, v. 66, p. 1614–1621, 1988.

HEYEN, D. W. et al. Exclusion probabilities of 22 bovine microsatellite markers in fluorescent multiplexes for semiautomated parentage testing. **Animal Genetics,** v. 28, n. 1, p. 21-27, 2009.

HICKEY, J. M. et al. Estimation of accuracy and bias in genetic evaluations with genetic groups using sampling. **Journal of animal science,** v. 86, n. 5, p. 1047-1056, 2008.

HORIMOTO, A. et al. Phenotypic and genetic correlations for body structure scores (frame) with productive traits and index for CEIP classification in Nellore beef cattle. **Genet. Mol. Res,** v. 6, n. 1, p. 188-196, 2007.

JORJANI, H.; PHILIPSSON, J.; MOCQUOT, J. C. Interbull Guidelines for national and international genetic evaluation systems in dairy cattle with focus on production traits. **Interbull Bulletin,** v. 28, p. 30, 2001.

KNIGHTS, S. A. et al. Estimates of heritabilities and of genetic and phenotypic correlations among growth and reproductive traits in yearling Angus bulls. **J. Anim. Sci,** v. 58, n. 4, p. 887-893, 1984.

KOURY FILHO, W. Escores visuais e suas relações com características de crescimento em bovinos de corte. **Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal**, 2005.

KOURY FILHO, W. et al. Estimativas de herdabilidade e correlações para escores visuais, peso e altura ao sobreano em rebanhos da raça Nelore. **R. Bras. Zootec,** v. 38, n. 12, p. 2362-2367, 2009.

KOVAC, M.; GROENEVELD, E. VCE-6 user's guide and Reference Manual Version 6. **University of Ljubljana, Slovenia**, p. 75, 2007.

LOURENÇO, J. C. Agronegócio Brasileiro: Projeções De Crescimeto E Entraves De Infra-Estrutura Logística. **Observatorio de la Economía Latinoamericana**, n. 119, 2011.

LUNSTRA, D. D.; LASTER, D. B. Influence of single-sire and multiple-sire natural mating on pregnancy rate of beef heifers. **Theriogenology,** v. 18, n. 4, p. 373-382, 1982.

MAGALHÃES, M. N.; DE LIMA, A. C. P. **Noções de probabilidade e estatística**. 2002.

MARTINEZ-VELAZQUEZ, G. et al. Genetic relationships between scrotal circumference and female reproductive traits. **Journal of animal science,** v. 81, n. 2, p. 395-401, 2003.

MELIS, M. H. V. et al. Additive genetic relationship of longevity with fertility and production traits in Nellore cattle based on bivariate models. **Genetics and Molecular Research,** v. 9, n. 1, p. 176-187, 2010.

MILLEN, D. D. et al. Current outlook and future perspectives of beef production in Brazil. **Animal Frontiers,** v. 1, n. 2, p. 46-52, 2011.

MISZTAL, I. BLUPF90—A flexible mixed model program in Fortran 90. **University of Georgia**, 1998.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of Inter-Block Information when Block Sizes are Unequal. **Biometrika**, p. 545-554, 1971.

PEDROSA, V. B. et al. Genetic parameters for mature weight and growth traits in Nelore cattle. **Revista Brasileira de Saude e Producao Animal,** v. 11, n. 1, p. 104-113, 2010.

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

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

PETRINI J. et al. Genetic grouping strategies in selection efficiency of composite beef cattle (Bos taurus x Bos indicus). **Journal of Animal Breeding and Genetics**, No prelo 2013.

PHOCAS, F.; LALOË, D. Should genetic groups be fitted in BLUP evaluation? Practical answer for the French AI beef sire evaluation. **Genetics Selection Evolution,** v. 36, n. 3, p. 1-21, 2004.

PIERAMATI, C.; VAN VLECK, L. D. Effect of genetic groups on estimates of additive genetic variance. **Journal of animal science,** v. 71, n. 1, p. 66-70, 1993.

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

QUAAS, R. L. Additive Genetic Model with Groups and Relationships. **Journal of Dairy Science,** v. 71, n. 5, p. 1338-1345, 1988.

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

REGATIERI, I. C.; BOLIGON, A. A.; ALBUQUERQUE, L. G. Genetic analysis of visual scores and their relationships to mature female weight in Nellore breed. **Revista Brasileira de Zootecnia,** v. 40, n. 1, p. 100-105, 2011.

RESENDE, M. D. V. et al. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viciada (BLUP) em Pinus. **Boletim de Pesquisa Florestal, Colombo,** v. 32, p. 33, 1996.

RESTREPO, L. F.; GONZÁLEZ L, J. From Pearson to Spearman. **Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias,** v. 20, n. 2, p. 183-192, 2007.

RODRIGUEZ, M. C.; TORO, M.; SILIÓ, L. Selection on lean growth in a nucleus of Landrace pigs: an analysis using Gibbs sampling. **Animal Science,** v. 63, n. 2, p. 243-254, 1996.

ROSA, F. T. Pecuária sustentável é com o Brasil. **Scot Consultoria**, 25 de set. de 2009. Disponível em: http://www.scotconsultoria.com.br/noticias/todas-noticias/5292/pecuaria-sustentavel-e-com-o-brasil.htm>. Acesso em: 15 de nov 2011.

SANTANA, M. L. et al. Effect of inbreeding on growth and reprodutive traits of Nellore cattle in Brazil. **Livestock Science**, v. 131, p. 212-217, 2010.

SANTANA, M. L. et al. Genetic relationship between growth and reproductive traits in Nellore cattle. **Animal,** v. 1, n. 1, p. 1-6, 2011.

SAPP, R. L. Statistical approach for dealing with uncertain paternity. 117f (Doutorado em Filosofia) - Unisersity of Georgia, Athens, 2005.

SAPP, R. L. et al. Genetic evaluation in the presence of uncertain additive relationships. I. Use of phenotypic information to ascertain paternity. **Journal of animal science,** v. 85, n. 10, p. 2391-2400, 2007.

SERENO, J. R. B. **Utilização racional de touros em monta natural**. Embrapa Pantanal, 2004.

SHIOTSUKI, L. et al. Genetic associations of sexual precocity with growth traits and visual scores of conformation, finishing, and muscling in Nelore cattle. **Journal of animal science,** v. 87, n. 5, p. 1591-1597, 2009.

SHIOTSUKI, L. et al. Evaluation of an average numerator relationship matrix model and a Bayesian hierarchical model for growth traits in Nellore cattle with uncertain paternity. **Livestock Science**, v. 144, p. 89-95, 2012.

SILVA, A.; DODE, M. A. N.; UNANIAN, M. M. **Capacidade reprodutiva do touro de corte: funções, anormalidades e outros fatores que a influenciam.** Campo Grande: Embrapa Gado de Corte. 1993.

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

SULLIVAN, P. G.; SCHAEFFER, L. R. Fixed versus random genetic groups. Proc. 5th World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod., Guelph, Canada, 1994. p.483-486.

THERON, H. E.; KANFER, F. H. J.; RAUTENBACH, L. The effect of phantom parent groups on genetic trend estimation. **South African Journal of Animal Science,** v. 32, n. 2, p. 130-135, 2003.

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

TORAL, F. L. B. et al. Interação genótipo× ambiente em características de crescimento de bovinos da raça Nelore no Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia,** v. 33, n. 6, p. 1445-1455, 2004.

VAN EENENNAAM, A. L. et al. DNA-based paternity analysis and genetic evaluation in a large, commercial cattle ranch setting. **Journal of animal science,** v. 85, n. 12, p. 3159-3169, 2007.

VAN VLECK, L. D. Misidentification in Estimating the Paternal Sib Correlation. **Journal of Dairy Science**, v. 53, n.10, p. 1469-1474, 1970.

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

WESTELL, R. A.; QUAAS, R. L.; VAN VLECK, L. D. Genetic groups in an animal model. **Journal of dairy science,** v. 71, n. 5, p. 1310-1318, 1988.