UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
FACULDADE DE ZOOTECNIA E ENGENHARIA DE ALIMENTOS

ISABELA ROCHA MENEZES

Estimativa de parâmetros genéticos de características produtivas e reprodutivas de bovinos Nelore, utilizando análises multicaracterísticas, componentes principais e análise de fatores.

PIRASSUNUNGA

2017

ISABELA ROCHA MENEZES

Estimativa de parâmetros genéticos de características produtivas e reprodutivas de bovinos Nelore, utilizando análises multicaracterísticas, componentes principais e análise de fatores.

“Versão corrigida”

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

Área de Concentração: Qualidade e Produtividade Animal.

Orientador: Prof. Dr. Joanir Pereira Eler

PIRASSUNUNGA

2017

Ficha catalográfica elaborada pelo
Serviço de Biblioteca e Informação, FZEA/USP,
com os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

M533e Menezes, Isabela Rocha
Estimativa de parâmetros genéticos de
características produtivas e reprodutivas de bovinos
Nelore, utilizando análises multicaracterísticas,
component / Isabela Rocha Menezes ; orientador
Joanir Pereira Eler. -- Pirassununga, 2017.
53 f.

Dissertação (Mestrado - Programa de Pós-Graduação
em Zootecnia) -- Faculdade de Zootecnia e
Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo.

1. melhoramento genético. 2. modelo animal. 3.
herdabilidade. 4. correlação genética. 5. bovinos.
I. Eler, Joanir Pereira, orient. II. Título.

DEDICATÓRIA

Dedico aos meus pais José Walder Menezes (Zeca) e Sônia Julieta Rocha Menezes (Jujú), por todo o incentivo e força, e por serem a minha base em tudo.

Ao meu esposo Klayton Vinicius Nozawa, que não mediu esforços para que eu concluísse esse trabalho.

Aos meus irmãos Ione Rocha Menezes Leal e Vinícius Rocha Menezes, por todo apoio e incentivo.

À todos os meus familiares e amigos que direta e indiretamente me ajudaram nessa trajetória.

*“O que vale na vida não é o ponto de partida e sim a caminhada.
Caminhando e semeando, no fim terás o que colher”
Cora Coralina*

AGRADECIMENTOS

Em especial aos professores Joanir Pereira Eler, Mário Luiz Santana Júnior e Annaíza Braga Bignardi, por todo apoio, confiança, e ensinamentos, os quais foram fundamentais para o desenvolvimento desta pesquisa.

Aos professores Ignacy Misztal e Daniela Lourenço, por todos os ensinamentos e pela acolhida durante a minha estadia na Universidade da Geórgia (University of Georgia). E aos professores, José Bento Sterman Ferraz, Ricardo Ventura e César Augusto de Lima.

À Técnica de Processamento de dados, Elisângela Chicaroni de Matos (companheira e amiga de todas as horas), por todo apoio e dedicação prestados.

Aos colegas do GMAB que contribuíram com ensinamentos, apoio e amizade sincera: Barbara Abreu, Gerson Antônio, Yuri Natividade, Mikaele Alexandre, Leydiana Duarte, Gerardo Mamani, Lenin Aguirre, Priscila Silva, Mireli Poleti, Miguel Henrique, Jairo Azevedo, Alessandra Rosa, Pâmela Alexandre e Francisco Novaes.

Aos colegas do grupo de melhoramento animal da University of Georgia: Shogo Tsuruta, Breno Fragomeni, Yutaka Massuda, Pattarapoln Summreed (Pete), Idalmo Garcia, Heather Bradford, Ivan Porcric e Vinícius Junqueira.

Aos amigos que se tornaram irmãos: Elayna Maciel e Leandro Demuner.

À minha querida “Dona Verinha” da faxina, por todo cuidado e carinho durante esses 4 anos de estudo.

Um agradecimento especial ao grupo de amigos, que foram o refúgio, o apoio, a alegria e a força durante os quatro anos em Pirassununga: “FARRAS”.

Aos amigos de Pirassununga: Raphael Marques, Delaila, Andreia Roberta, Luciana e Daniele Carvalho, Débora e Alexandre Rosolen.

Aos Amigos de Athens, em especial João, Cassandra e Ana Tereza Bittar; Mariana Fragomeni; e Jefferson Lourenço.

À toda a minha família, em especial aos meus pais e meus sogros Marcos e Ivani Nozawa.

Aos amigos de Montes Claros, Cris Durães, Rodrigo Morão, Larissa, Vanessa Fonseca, Bárbara da Mata e Carina Araújo.

À CAPES – demanda social e CNPQ – Processo n. 200458/2015-9, pela concessão de bolsas de estudo e financiamento da pesquisa.

RESUMO

MENEZES, I. R. **Estimativa de parâmetros genéticos de características produtivas e reprodutivas de bovinos Nelore, utilizando análises multicaracterísticas, componentes principais e análise de fatores.** 2017. 53p. Tese (Doutorado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, 2017.

A realização deste estudo teve como objetivo a estimação de componentes de (co) variância e parâmetros genéticos das características: peso (PES18), perímetro escrotal (PE18), precocidade de acabamento (PREC), musculosidade (MUSC) e altura (ALT), mensuradas aos 18 meses de idade, ganho de peso da desmama ao sobreano (GP345) e idade ao primeiro parto (IPP) de bovinos Nelore, utilizando-se modelos multicaracterísticas. Foram avaliados dados de 107.332 mil bovinos criados entre os anos de 1994 e 2009 em fazendas localizadas nos estados de São Paulo, Mato Grosso do Sul e Goiás, e pertencentes ao Programa de Seleção da raça Nelore da Agropecuária CFM Ltda. Utilizaram-se três diferentes modelos: modelo multicaracterísticas padrão, modelo de componentes principais e de análise de fatores, esses dois últimos contemplando os três primeiros componentes e fatores, os quais foram comparados por critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC). O modelo que utilizou a técnica da análise de fatores contemplando os dois primeiros fatores (MFA₂) apresentou melhor ajuste, seguido do modelo que contemplou os 3 primeiros fatores (MFA₃). Estes possibilitaram estimativas próximas das realizadas pelos modelos multicaracterísticas padrão, às quais se mostraram parecidas com os valores já relatados e estimados no Brasil.

Palavras-Chave: melhoramento genético, modelo animal, herdabilidade, correlação genética.

ABSTRACT

MENEZES, I. R. Estimation of genetic parameters of productive and reproductive traits of Nelore cattle, using multi traits analysis, principal components and factor analysis. 2017. 53p. Thesis (PhD) – College of Animal Science and Food Engineering, University of São Paulo, 2017.

This study was objectified the estimation of (co)variance components and genetics parameters of traits: weight (W18), scrotal circumference (SC18), precocity finishing (PREC), muscularity (MUSC) and height (H), measured at 18 months of age, weight gain from weaning to yearling (WG345) and age at first calving (AFC) from Nelore cattle, using multi trait models, with analysis multi trait standard, analysis of principal components and factor analysis. Were evaluated data from 107,332 bovines, managed between the years of 1994 and 2009 in farms localized on states of São Paulo, Mato Grosso do Sul and Goiás, and were participants in Nelore Selection Program from CFM Company Ltda. Was utilized three different models, multi trait model, model of principal components and factor analytic, these two last contemplating the four first principal components and factors analytics and that was compared by information criteria of Akaike (AIC) and Bayesian of Schwarz (BIC). The model that used the factor analysis technique contemplating the first two factors (MFA₂) presented better adjustment, followed by the model that contemplated the first 3 factors (MFA₃). These allowed close estimates to those performed by the standard multi trait models, which were similar to the values already reported and estimated in Brazil.

Key Words: animal breeding, animal model, heritability, genetic correlation.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Coeficientes de herdabilidade (h^2) para peso aos 18 meses de idade (PES18) em bovinos Nelore, utilizando-se diferentes metodologias de estimativa, relatados na literatura.....	18
Tabela 2 – Coeficientes de herdabilidade (h^2) para ganho de peso aos 345 dias (GP345) em bovinos Nelore, utilizando-se diferentes metodologias de estimativa, relatados na literatura.....	19
Tabela 3 – Coeficientes de herdabilidade (h^2) para precocidade de acabamento (PREC), conformação (CONF), musculosidade (MUSC) e altura (ALT) em bovinos Nelore, utilizando-se diferentes metodologias de estimativa, relatados na literatura.....	21
Tabela 4 – Coeficientes de herdabilidade (h^2) para perímetro escrotal aos 18 meses de idade (PE18) e idade ao primeiro parto (IPP), em bovinos Nelore, utilizando-se diferentes metodologias de estimativa, relatados na literatura.....	22
Tabela 5- Estrutura referente ao banco de dados da população deste estudo.....	29
Tabela 6- Números de observações (N), média, desvios padrão (DP) e grupos de contemporâneos (GC), de características produtivas e reprodutivas de animais Nelore.....	30
Tabela 7- Variâncias genéticas aditivas (σ_a^2), residuais (σ_e^2) e fenotípicas (σ_p^2) de características produtivas e reprodutivas de animais Nelore, obtidas por análise multicaracterísticas.....	35
Tabela 8- Variâncias genéticas aditivas (σ_a^2), residuais (σ_e^2) e fenotípicas (σ_p^2) de características produtivas e reprodutivas de animais Nelore, estimadas por análise de componentes principais contemplando os três primeiros componentes.....	36

Tabela 9- Variâncias genéticas aditivas (σ_a^2), residuais (σ_e^2) e fenotípicas (σ_p^2) de características produtivas e reprodutivas de animais Nelore, estimadas por análise de fatores contemplando os três primeiros fatores.....37

Tabela 10- Número de parâmetros (p), função de verossimilhança (2log L), critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC) e tempo (T) gasto, obtidos na estimativa de componentes de (co) variância e parâmetros genéticos de características produtivas e reprodutivas de animais Nelore, utilizando modelo multicaracterísticas (MC), de componentes principais contemplando o primeiro (MCP₁), segundo (MCP₂) e os três primeiros componentes (MCP₃), modelo de análise de fatores contemplando o primeiro (MFA₁), segundo (MFA₂) e o três primeiros fatores (MFA₃).....38

Tabela 11- Coeficientes de herdabilidade de características produtivas e reprodutivas de animais Nelore, estimados por modelo multicaracterísticas (MC), de componentes principais contemplando o primeiro (MCP₁), segundo (MCP₂) e os três primeiros componentes (MCP₃) e o primeiro (MFA₁), segundo (MFA₂) e os três primeiros fatores (MFA₃).....39

Tabela 12- Coeficientes de correlação genética (abaixo da diagonal) e erro padrão (acima da diagonal) entre características produtivas e reprodutivas de animais Nelore, estimadas por modelo multicaracterísticas.....41

Tabela 13- Coeficientes de correlação genética (abaixo da diagonal) e erro padrão (acima da diagonal) entre características produtivas e reprodutivas de animais Nelore, estimadas por análise de componentes principais contemplando os três primeiros componentes.....42

Tabela 14- Coeficientes de correlação genética (abaixo da diagonal) e erro padrão (acima da diagonal) entre características produtivas e reprodutivas de animais Nelore, estimadas por análise fatores contemplando os três primeiros fatores.....43

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AIC	Critério de informação de <i>Akaike</i>
BIC	Critério de informação Bayesiano de <i>Schwarz</i>
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
PES18	Peso aos 18 meses de idade
GP345	Ganho de peso da desmama ao sobreano
PESDES	Peso à desmama
NDEP	Número de dias entre as pesagens
PREC	Precocidade de acabamento
CONF	Conformação
ALT	Altura
MUSC	Musculosidade
PE18	Perímetro escrotal aos 18 meses de idade
IPP	Idade ao primeiro parto
REML	Método de máxima verossimilhança restrita
BLUP	<i>Best Linear Unbiased Prediction</i>
CP	Componentes principais
AF	Análise de fatores
MC	Multicaracterísticas padrão
MCP _n	Modelo de componentes principais ajustado aos <i>n</i> primeiros componentes
MFA _n	Modelo de análise de fatores ajustado aos <i>n</i> primeiros fatores

LISTA DE SÍMBOLOS

h^2	Coeficiente de herdabilidade
y	Vetor de observações para as características estudadas
β	Vetor de soluções para os efeitos fixos
u	Vetor de soluções para os efeitos aleatórios genético aditivo direto
α	Vetor de soluções para efeitos aleatórios
e	Vetor do efeito aleatório residual
X	Matriz de incidência do vetor de soluções para efeitos fixos ao vetor das observações estudadas
Z	Matriz de incidência do vetor de soluções para os efeitos aleatórios genético aditivo direto ao vetor das observações estudadas
q	Número de parâmetros utilizados no modelo
var	Variância
G_d	Matriz de variâncias dos efeitos genéticos aditivos direto
A	Matriz de parentesco
R	Matriz de variâncias residuais
I_N	Matriz identidade com número de animais com registros
$\otimes$	Produto direto entre matrizes
X'	Matriz transposta de efeitos fixos
R^{-1}	Matriz inversa de variâncias residuais
Z_n	Matriz de efeitos aleatórios para o animal n
W	Matriz de estimadora não viesada
E	Matriz de autovetores
Λ	Matriz de autovalores
Γ	Matriz de cargas fatoriais

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	12
2. HIPÓTESES	14
3. OBJETIVO	15
3.1 Objetivo geral	15
3.2 Objetivos específicos	15
4. REVISÃO DE LITERATURA	16
4.1 Avaliação genética do Nelore no Brasil	16
4.2 Características utilizadas no melhoramento genético do Nelore no Brasil	18
4.3 Estimativas de componentes de (co) variância e parâmetros genéticos	23
4.4 Métodos de predição genética	23
4.5 Análise de componentes principais	25
4.6 Análise de fatores	26
5. MATERIAL E MÉTODOS	28
5.1 Editoração do banco de dados	29
5.2 Análises estatísticas	30
6. RESULTADOS E DISCUSSÃO	35
7. CONCLUSÃO	46
8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	47

1. INTRODUÇÃO

O melhoramento genético dos rebanhos baseia-se em dois pilares: seleção e sistemas de acasalamento. Para que a seleção possa ser efetiva, torna-se necessária a avaliação genética que nada mais é do que a utilização de técnicas estatísticas que permitem a separação entre efeitos genéticos aditivos e efeitos associados às diferenças ambientais na população. Com a avaliação genética obtém-se o mérito genético predito para o animal na característica avaliada. Com base na ordenação dos animais pelo mérito genético predito, expresso em Diferença Esperada na Progenie faz-se a seleção dos animais a serem acasalados. Os sistemas de acasalamentos são estratégias utilizadas para potencializar a resposta à esta seleção (ELER, 2008). Esta predição é baseada em análise estatística por meio da metodologia dos modelos mistos de dados fenotípicos.

É comum nos programas de melhoramento genético do Nelore brasileiro, haver várias características desejáveis a serem incluídas nas avaliações, no entanto o aumento do número de características a fim de obter dados mais detalhados e ou reduzir o desvio devido à seleção, implica a aplicação de modelos complexos que contêm um número excessivo de parâmetros, um fato que pode limitar o uso combinado de todas as características disponíveis (BOLIGON et al., 2013).

Quando várias características de interesse econômico estão incluídas no modelo animal, podem ser utilizados diferentes métodos estatísticos, tais como as análises multicaracterísticas padrão e análises multivariadas. Ambas permitem a análise simultânea de múltiplas características em cada animal (BOLIGON et al., 2015) e permitem estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos.

As análises multivariadas incluem as análises de componentes principais e de fatores, as quais permitem descrever um conjunto de variáveis originais através da criação de um número menor de dimensões para a variação existente nos dados e, foram descritas por vários autores (MEYER et al., 1995; BIGNARDI et al., 2012; BOLIGON et al., 2013; BOLIGON ET AL., 2015) como sendo mais indicadas por apresentarem melhores ajustes para estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos em casos onde se envolve várias características a serem incluídas no modelo.

As análises multicaracterísticas padrão apesar de serem mais utilizadas (quando comparadas as análises multivariadas nas avaliações genéticas, podem

apresentar problemas de convergências, grande número de parâmetros a serem estimados e conseqüentemente maior demanda de tempo e recursos computacionais (MEYER, 2007; BIGNARDI et al., 2012; BOLIGON et al., 2015). A utilização da análise de componentes principais e de fatores tem sido crescente nas diferentes áreas da pesquisa acadêmica (VAL et al., 2008). A identificação da melhor técnica visa uma maior otimização nos processos de predição genética na raça Nelore. As discussões acima justificam o desenvolvimento deste projeto de comparação entre análises multicaracterísticas padrão e as técnicas de análise multivariada aplicadas a um grande conjunto de dados em um modelo estatístico que inclui simultaneamente oito características economicamente importantes na raça Nelore.

2. HIPÓTESE

- As técnicas de análise de componentes principais e de fatores permitem a estimativa de parâmetros genéticos e componentes de (co)variância para características de crescimento e de reprodução em animais da raça Nelore, com melhor qualidade no ajuste dos modelos aos dados, além de otimizarem o tempo gasto para a estimação, quando comparadas à utilização de análise multicaracterísticas padrão.

3. OBJETIVOS

3.1 Objetivo geral

-Comparar as técnicas de análises multivariadas com a análise multicaracterísticas padrão aplicadas a um grande conjunto de dados em um modelo estatístico que inclui simultaneamente oito características comumente avaliadas na raça Nelore.

3.2 Objetivos específicos

- Estimar componentes de (co)variância para as características de: peso, perímetro escrotal, musculosidade, precocidade de acabamento, conformação e altura, mensuradas aos 18 meses de idade e, ganho de peso da desmama ao sobreano e a característica reprodutiva idade ao primeiro parto em uma população Nelore, utilizando análise multicaracterísticas padrão comparada com as análises de componentes principais e análise de fatores.

- Estimar os coeficientes de herdabilidade para as características acima mencionadas.

- Estimar as correlações genéticas entre as características acima mencionadas

- Verificar e comparar a qualidade dos ajustes dos modelos, por meio dos critérios de Akaike (AIC) (AKAIKE, 1973) e Bayesiano de Schwarz (BIC) (SCHWARZ, 1998), além do tempo gasto para a estimação.

4. REVISÃO DE LITERATURA

4.1 Avaliação genética do Nelore no Brasil

No Brasil, a pecuária é uma das cadeias produtivas mais importantes, sustentando milhões de trabalhadores e gerando alimentos para uma imensa população, não somente de ordem nacional, como também, para muitos países importadores de carne (ASSIS, 2007). Conforme o IBGE (2015), o Brasil é o país com maior rebanho bovino comercial do mundo, em torno de 209 milhões de animais, em que a maior parte é constituída por animais de raças zebuínas (*Bos indicus*), destacando-se o Nelore o qual ocupa 80% dessa parcela.

A raça Nelore é considerada a melhor alternativa para a produção de carne econômica nos trópicos, além de ser responsável por representar 65% da população bovina do mundo (ABIEC, 2016). Estes animais chegaram ao Brasil em meados do século XIX vindos da Índia, sendo amplamente difundidos na pecuária brasileira devida à sua capacidade de adaptação às condições edafoclimáticas do país (BIANCHINI et al., 2006). Tendo em vista a necessidade do desenvolvimento de animais adaptados, mas que apresentassem melhores desempenhos produtivos e reprodutivos, iniciaram-se na década de 1940 trabalhos visando o desenvolvimento de animais que aliassem adaptabilidade e maior potencial de produção. Então, nessa época, as avaliações de desempenho ponderal e reprodutivas, bem como os estudos comparativos entre grupos raciais, começaram. Com a obtenção de bancos de dados pode-se iniciar estudos relacionados com a determinação de parâmetros genéticos assim como a intensificação dos projetos de cruzamento envolvendo a raça Nelore (EUCLIDES FILHO, 2009).

A produção de carne cresceu em torno de 300% nos últimos 50 anos, e esse aumento se deu às custas da crescente melhoria na qualidade das pastagens e nas próprias práticas de manejo aliadas ao melhoramento genético dos rebanhos (OECD/FAO, 2012), bem como às pressões de mercado e de competitividade impostas sobre o setor, as quais continuam a exigir melhorias do potencial genético dos animais e sua adequação ao ambiente e ao manejo (de ALENCAR, 2004, GARNERO et al., 2002).

A genética quantitativa e a genética molecular constituem alicerces de fundamental importância para o melhoramento dos animais domésticos (LÔBO &

LOBO, 2007), além de ser uma ferramenta para aumentar a eficiência econômica dos rebanhos, por meio da utilização de avaliações genéticas, que permitem a identificação e seleção dos indivíduos geneticamente superiores (KOURY FILHO et al., 2010).

Existem duas formas de se realizar a avaliação genética, uma é por meio da seleção dos animais que serão pais da próxima geração e outra por meio dos sistemas de acasalamentos utilizados nos criatórios (YOKOO et al., 2009). Ambas, são baseadas nas observações fenotípicas realizadas por meio de pesagens, escores visuais e anotações zootécnicas; as quais permitem a estimação de parâmetros genéticos.

Entende-se por seleção o aumento da frequência de alelos desejáveis em detrimento da diminuição da frequência dos indesejáveis. É a escolha de indivíduos para a reprodução. Em uma população, essa escolha pode ser feita sem direcionamento dado pelo homem, o que se chama seleção natural ou por meio da ação do homem (seleção artificial). Nesta última, os animais são escolhidos com base nos seus valores genéticos.

A obtenção dos valores genéticos depende da obtenção de dados fenotípicos ou de desempenho dos indivíduos na característica avaliada. O valor genético é estimado, ou predito, com base no desempenho do próprio animal avaliado ou com base no desempenho de parentes.

Na década de 80, no Brasil, iniciou-se a utilização do método dos modelos mistos, tendo como ponto de partida o chamado modelo touro. Este modelo permitia apenas a predição genética para os próprios touros, com base no desempenho das progênies. Na década de 90 o processo evoluiu para o modelo animal, incluindo todos os indivíduos da população, considerando acasalamentos preferenciais e considerando também as diferenças genéticas existentes entre grupos populacionais ou entre rebanhos. O modelo animal permitiu a comparação de animais entre rebanhos, o que não era possível antes. Desde então, foram surgindo novos programas de avaliação genética na raça Nelore e consequentemente, implementação de características importantes no âmbito de produção de carne bem como de novas metodologias que permitissem melhores estimativas dos valores genéticos dos animais. Algumas diferenças conceituais e particularidades inerentes a grupos de produtores levaram à formação de vários programas de avaliação genética da raça Nelore em detrimento de uma avaliação única. Apesar das pequenas

diferenças existentes, todos os programas tem cumprido seu papel de produzir reprodutores geneticamente avaliados.

4.2 Características utilizadas no melhoramento genético do Nelore no Brasil

São muitas as características fenotípicas incluídas nos programas de avaliação genética da raça Nelore. São características de desempenho ponderal, ou produtivas, características reprodutivas e algumas que podem ser considerados como mistas, produtivas e reprodutivas. Para realizar uma avaliação genética é importante uma escolha clara dos objetivos de seleção, e consequentemente das características a serem incluídas no programa de avaliação genética.

O peso é um critério importante na bovinocultura de corte. Em geral, os pesos padronizados para 120, 205, 365 e 550 dias de idade são analisados com utilização de modelos multicaracterísticas (PASSAFARO et al., 2016). O peso ao sobreano (PES18, mensurado por volta dos 50 dias de idade), expressa em Quilogramas (kg) o peso potencial que o animal apresenta aos 18 meses de idade devido à ação dos seus próprios genes (FERRAZ et al., 2006) e destaca-se como critério de seleção, por ser bom indicador do potencial de crescimento do animal em idade mais avançada (LAUREANO et al., 2011). Apresenta herdabilidade que varia de média a alta magnitude (Tabela 1), possibilitando resposta satisfatória à seleção (MASCIOLLI et al., 1996). Além de apresentar forte correlação com características de escores visuais, que permitem identificar a precocidade dos animais e a proporção de diferentes tecidos da carcaça (DUITAMA et al., 2015).

Tabela 1 – Coeficientes de herdabilidade (h^2) para peso aos 18 meses de idade (PES18) em bovinos Nelore, utilizando-se diferentes metodologias de estimativa, relatados na literatura.

Referências	h^2	Tipo de análise
Garnero et al., 2002	0,48	Unicaracterística
Siqueira et al., 2003	0,47	Unicaracterística
Van Melis et al., 2003	0,36	Multicaracterísticas
Silveira et al., 2004	0,39	Unicaracterística
Boligon et al., 2008	0,34	Bivariada
Frizzas et al., 2008	0,25	Bi e multicaracterísticas
Ferriani et al., 2013	0,34	Multicaracterísticas
Duitama et al., 2015 e Oliveira Junior et al., 2013	0,37	Uni e multicaracterísticas

O ganho de peso pós desmama (GP345) é obtido a partir da pesagem de desmama (205 dias) e de sobreano (18 meses). Assim, considera-se o ganho de peso em 345 dias pós-desmama. É uma característica que permite selecionar reprodutores capazes de produzir filhos que tenham bom desempenho após o período de maior influência materna. Ele pode ser obtido por meio da equação representada em (1).

$$GP345 = ((PES18 - PESDES) \div NDEP) \times 345 \quad (1),$$

em que GP345 representa o ganho de peso nos 345 dias pós desmame; PES18 o peso ao sobreano; PESDES corresponde ao peso à desmama, NDEP o número de dias entre as pesagens (OLIVEIRA JUNIOR, 2013). Os coeficientes de herdabilidade estimados para o GP345 são, em geral, moderados em razão dos diversos níveis de ambiente em que os animais são criados (Tabela 2).

Tabela 2 – Coeficientes de herdabilidade (h^2) para ganho de peso aos 345 dias (GP345) em bovinos Nelore, utilizando-se diferentes metodologias de estimativa, relatados na literatura.

Referências	h^2	Tipo de análise
Eler et al., 2000	0,21 a 0,23	Bicaracterísticas
Boligon et al., 2010	0,23	Multicaracterísticas
Santana et al., 2012	0,15	Multicaracterísticas
Oliveira Junior, 2013	0,20	Unicaracterística
Duitama et al., 2015	0,26	Uni e multicaracterísticas
Abreu Silva, 2016	0,19	Multicaracterísticas

Em muitos programas de melhoramento genético ao redor do mundo percebeu-se que a inclusão de medidas de peso às diferentes idades nas avaliações genéticas não é suficiente para identificar aqueles animais que finalizam de forma precoce com boas características de carcaça. Devido a isso, começaram a incluir características que mensuram dimensões corporais por meio de características de escores visuais (DUITAMA et al., 2015), que estão relacionados ao desenvolvimento e crescimento dos animais, pois permitem identificar animais que apresentem maior crescimento corporal e ao mesmo tempo melhor conformação morfológica, além de serem um eficiente indicativo de precocidade de acabamento e melhor morfologia (MAY et al., 1992; CAMPOS & CARDOSO, 1995; FRIES, 1996; KOURY FILHO, 2001, FARIA et al., 2008; MAY et al., 2014).

A musculosidade está diretamente relacionada com o crescimento (MEYER, 1995), pois, ao ser avaliada, leva-se em consideração a massa muscular do animal. Esta característica é comumente mensurada atribuindo-se notas de 1 a 6, em que os animais que apresentarem maior massa muscular recebem a maior pontuação (JORGE JUNIOR et al., 2001; SANTANA et al., 2011).

A precocidade (PREC) é uma característica em que é avaliada a capacidade do animal em atingir o grau de acabamento mínimo da carcaça com peso vivo não elevado. Maior profundidade de costelas, maior caixa torácica, silhueta cheia, virilhas pesadas e em início de deposição de gordura subcutânea, principalmente na base da cauda, são indicativos de maior precocidade de terminação. Animais altos, esguios e extremamente magros tendem a ser mais tardios (KOURY FILHO, 2001).

A conformação é uma característica indicativa da condição corporal do animal (PEDROSA et al., 2010), onde avalia-se e pontua-se a quantidade de carne presente na carcaça por meio de escores visuais, e geralmente, é influenciada pelo tamanho e pelo grau de musculosidade do animal (KOURY FILHO, 2001).

A altura da garupa é determinada medindo-se a distância da protuberância do íleo até o chão (KOURY FILHO, 2001). Ela é utilizada em programas de melhoramento, pois permite que se obtenham resultados confiáveis na determinação do tamanho à maturidade (ROCHA et al., 2003), além de que, a seleção baseada apenas no peso corporal pode levar à produção de animais mais altos que em determinados ambientes podem ser mais tardios e menos eficientes (PEREIRA et al., 2010).

As características de escores visuais possuem coeficientes de herdabilidade relatados entre magnitudes de baixa a moderada, conforme pode ser observado na Tabela 3.

Tabela 3 – Coeficientes de herdabilidade (h^2) para precocidade de acabamento (PREC), conformação (CONF), musculosidade (MUSC) e altura (ALT) em bovinos Nelore, utilizando-se diferentes metodologias de estimativa, relatados na literatura.

Referências	h^2	Tipo de análise	Característica
Silva et al., 2003	0,30	Unicaracterística	ALT
Forni et al., 2007	0,12	Unicaracterística	CONF
Pereira et al., 2010	0,62	Uni e Bicaracterísticas	ALT
Koury filho et al., 2010	0,24	Bicaracterísticas	CONF
Koury filho et al., 2010	0,32	Bicaracterísticas	PREC
Koury Filho et al., 2010	0,27	Bicaracterísticas	MUSC
Oliveira Junior et al., 2013	0,21	Unicaracterística	MUSC
Ferriani et al., 2013	0,32	Multicaracterísticas	MUSC
Ferriani et al., 2013	0,21	Multicaracterísticas	CONF
Ferriani et al., 2013	0,36	Multicaracterísticas	ALT
Pedrosa et al., 2014	0,25	Multicaracterísticas	MUSC
Duitama et al., 2015	0,32	Uni e multicaracterísticas	MUSC
Duitama et al., 2015	0,37	Uni e multicaracterísticas	PREC
Abreu Silva, 2016	0,22	Multicaracterísticas	MUSC

O estudo e a inclusão de características reprodutivas em programas de melhoramento animal são importante aspecto, pois a fertilidade determina a quantidade de animais produzidos para o mercado, além de contribuir na determinação da lucratividade da atividade da pecuária de corte (PEREIRA et al., 2010). Alguns estudos relatam a importância de se incluir as características reprodutivas como objetivos de seleção, pois rebanhos que apresentam maiores índices reprodutivos possuem maior disponibilidade de animais tanto para venda como para seleção de reposição, permitindo assim, maior progresso genético com consequente aumento da lucratividade (TOELLE e ROBISON, 1985; BERGMANN et al., 1996; PHOCAS et al., 1998, PEREIRA et al., 2000; PEREIRA et al., 2001).

O perímetro escrotal (PE) é utilizado para compor índices de seleção de bovinos, principalmente os da raça Nelore (ELER, FERRAZ et al., 1996; PEREIRA et al., 2000; ELER et al., 2004; ELER et al., 2006; BOLIGON et al., 2008) e tem sido facilmente mensurado (BRINKS et al., 1978). Em vários estudos foram estimados herdabilidade e correlação genética envolvendo características reprodutivas, perímetro escrotal e ganho de peso. O perímetro escrotal responde à seleção direta, mas tem relativamente baixa correlação genética com as características reprodutivas.

Assim, embora a seleção para PE possa produzir respostas nas características reprodutivas, essa resposta pode ser muito maior se a seleção para característica reprodutiva for feita com base no mérito genético para a própria característica reprodutiva. Por exemplo, seleção para precocidade sexual com base no desafio das novilhas jovens que são selecionadas para idade ao primeiro parto (PEREIRA et al., 2000; MARTÍNEZ-VELÁZQUEZ et al., 2003; ELER et al., 2004; VAN MELIS et al., 2010).

A idade ao primeiro parto (IPP) é uma característica que também pode ser utilizada como critério de seleção, por estar relacionada com a idade à puberdade dos animais (DIAS et al., 2004). Essa característica pode ser utilizada como indicativo da precocidade sexual do animal, proporcionando maiores índices reprodutivos dos rebanhos (SILVA et al., 2003; BOLIGON et al., 2008).

As características reprodutivas, como a PE e IPP, possuem coeficientes de herdabilidade relatados na literatura, de magnitudes de baixa a moderada (Tabela 4).

Tabela 4 – Coeficientes de herdabilidade (h^2) para perímetro escrotal aos 18 meses de idade (PE18) e idade ao primeiro parto (IPP), em bovinos Nelore, utilizando-se diferentes metodologias de estimativa, relatados na literatura.

Referências	h^2	Tipo de análise	Característica
Yokoo et al., 2007	0,48	Bi e Trivariadas	PE18
Boligon et al., 2008	0,14	Bivariadas	IPP
Pereira et al., 2010	0,49	Uni e Bicaracterísticas	PE18
Van Melis et al., 2010	0,42	Multicaracterísticas	PE18
Pereira et al., 2010	0,08	Uni e Bicaracterísticas	IPP

Após a escolha das características que serão utilizadas como potenciais critérios de seleção em um programa de melhoramento genético são estimados os componentes de (co) variância e parâmetros genéticos, e posteriormente a predição dos valores genéticos dos indivíduos (PARNELL, 2001). Estas estimações são realizadas por meio de diferentes metodologias estatísticas.

4.3 Estimativas de componentes de (co) variância e parâmetros genéticos

O melhoramento genético animal tem como objetivo aumentar a frequência dos alelos favoráveis relacionados com as características de importância econômica e, para isso, faz-se necessário o conhecimento do valor genético aditivo dos animais que compõem a população (OLIVEIRA JUNIOR, 2013). A predição do mérito genético aditivo depende dos componentes de variância e covariância genética aditiva e fenotípica, que são geralmente desconhecidos. Torna-se, então, necessário estimar esses componentes (KENNEDY, 1981).

Existem diferentes métodos para estimar os componentes de (co) variância. Tais como os métodos I, II e III propostos por Henderson (1963), método de estimação quadrática não-viesada (HENDERSON, 1963), método da máxima verossimilhança (HARTLEY & RAO, 1967), método de norma mínima (RAO, 1970), método de estimação quadrática não-viesada de variância mínima (RAO, 1971), método da máxima verossimilhança restrita- *REML* (PATTERSON & THOMPSON, 1971) e os métodos bayesianos (GIANOLA et al., 1989).

4.4 Métodos de predição genética

Dependendo das características envolvidas na avaliação genética e da estrutura dos dados, diferentes modelos são utilizados para a predição dos valores genéticos dos indivíduos (MARTINS et al., 1997).

Henderson (1963) propôs em teoria o preditor BLUP – *Best Linear Unbiased Predictor*, que envolve todos os indivíduos identificados na estrutura genealógica da população para estabelecer os relacionamentos genéticos e encontrar o inverso dessa matriz de parentesco, usando registros de múltiplas características. Por essa razão, sua aplicação a grandes volumes de dados acarreta alto custo computacional (VAYEGO, 2013). Atualmente o modelo mais utilizado no melhoramento animal é modelo animal, que tem como preditor o BLUP e como estimador o método REML. O modelo animal, pode ser descrito em (2).

$$y = X\beta + Zu + e \quad (2),$$

em que y é o vetor de observações para as características estudadas; β é o vetor de soluções para os efeitos fixos; u é o vetor de soluções para os efeitos aleatórios genético aditivo direto; e é o vetor do efeito aleatório residual. X e Z são matrizes de incidência relacionando β , u e ao y .

A metodologia dos modelos mistos em concordância com o modelo animal tornou-se padrão para avaliações genéticas de animais de produção em praticamente todos os países, graças ao desenvolvimento de técnicas computacionais que possibilitaram trabalhar com matrizes de grande porte (OLIVEIRA JUNIOR, 2013).

A existência de uma ampla quantidade de características que podem ser abordadas em um programa de melhoramento genético gera grande número de variáveis a serem analisadas levando, conforme Meyer et al. (2007), a dificuldades computacionais e a problemas na obtenção de estimativas confiáveis. Isto pode limitar a utilização de algumas técnicas de análise como a multicaracterísticas padrão.

Outra metodologia de estimação de componentes de (co) variância e consequente estimação dos parâmetros genéticos são denominadas de análises multivariadas. Estas são métodos estatísticos que analisam simultaneamente medidas sobre a unidade experimental, em que as variáveis devem ser aleatórias e inter-relacionadas de maneira que seus efeitos não possam ser significativamente interpretados de forma separada. Elas se referem a todas as técnicas estatísticas que simultaneamente analisam múltiplas medidas sobre indivíduos ou objetos sob investigação (HAIR et al., 2007). Nesse tipo de análise, podem ser utilizadas diferentes técnicas, como por exemplo, a dos componentes principais e análise de fatores.

Vários foram os estudos que utilizaram as técnicas multivariadas no melhoramento animal, comprovando algumas vantagens da sua utilização, tais como mínimo viés das estimativas dos parâmetros genéticos e redução do esforço computacional (MORRISON, 1976; MEYER e KIRKPATRICK, 2004; MEYER, 2005; YAMAKI et al., 2009; FREITAS, et al., 2011).

4.5 Análise de componentes principais

Conforme Manly (2008), a técnica de componentes principais (CP) foi inicialmente descrita por Pearson (1901), o qual acreditou que era a solução correta para alguns dos problemas de interesse para biométricos naquele tempo, apesar de ter proposto um método prático de cálculo para duas ou três variáveis apenas. Uma descrição de métodos computacionais práticos veio muito mais tarde por Hotelling (1933). Até então, os cálculos eram demasiados para mais do que poucas variáveis porque tinham que ser feitos à mão. Somente após os computadores eletrônicos terem se tornados disponíveis é que a técnica de CP alcançou amplo uso.

A técnica de componentes principais consiste na transformação do conjunto original de variáveis em outro, denominados de componentes principais, de dimensões equivalentes, porém com a propriedade de que cada componente retém porcentagem da variância original e de que as variâncias são decrescentes do primeiro ao último componente, servindo ainda para a obtenção de combinações lineares das variáveis originais com variabilidade relativamente grande, além de ser uma ferramenta para redução da dimensionalidade dos dados (MORRISON, 1976).

De acordo com Cruz (1990), os componentes principais são independentes entre si e são estimados com o propósito de reter, em ordem de estimação, o máximo da informação, ou seja, o primeiro componente principal possui a máxima variância, tendo o segundo componente principal a segunda maior variância e, assim, sucessivamente, de forma que toda, ou maior parte da informação esteja, contida nos primeiros componentes.

Conforme Meyer e Kirkpatrick (2005), a estimativa dos efeitos genéticos pelo método do CP é atraente, pois possui vantagem sobre a estimação do efeito genético individual e outros componentes de (co) variância, incluindo a redução do número de parâmetros a serem considerados, a variação amostral e os requerimentos computacionais. Val et al. (2008) também comprovaram essa afirmação ao utilizarem o CP para facilitar a escolha de reprodutores em situações de ocorrência de análises envolvendo várias características simultaneamente. A técnica mostrou eficiência na classificação dos animais, além de terem sido eficientes para resumir as informações após a avaliação genética, promovendo maior facilidade na identificação dos animais mais adequados para determinados rebanhos ou sistemas de produção.

Kirkpatrick e Meyer (2004) mostraram que é possível estimar componentes principais genéticos por meio da simples reparametrização do modelo misto usual, proposto por Henderson e Quaas (1976). Os autores afirmam que essa técnica é aplicável para qualquer análise multicaracterísticas em que os efeitos genéticos são correlacionados. Dependendo da magnitude da correlação genética, um pequeno subconjunto de componentes principais geralmente é suficiente para capturar a maior parte da variação genética. Meyer e Kirkpatrick (2005) relataram que as vantagens dessa técnica são: primeiramente estimando os m primeiros componentes principais produz um modelo mais parcimonioso, reduzindo o número de parâmetros de $q(q + 1)/2$ (modelo MP) para $m(2q - m + 1)/2$. Em segundo lugar, as variâncias tendem a aumentar com o número de parâmetros estimados. Se os componentes principais têm omitido autovalores próximos de zero, o viés nas estimativas em decorrência de tal omissão é insignificante e pode ser compensado pelo menor quadrado médio do resíduo em comparação com análises de posto completo. Em terceiro lugar, as necessidades computacionais são bem menores do que as requeridas para um MP de posto completo. Isso pode facilitar as análises de grandes conjuntos de dados, produzindo assim estimativas mais acuradas dos parâmetros genéticos.

4.6 Análise de fatores

Inicialmente a análise de fatores (AF) esteve ligada ao problema da avaliação de escalas cognitivas e foi utilizada por uma série de pesquisadores da área de psicologia (SPEARMAN, 1904; THURSTONE, 1935 e BURT, 1941). No início, os métodos apresentavam uma característica mais empírica do que formal. Lawley (1942) ao publicar um primeiro trabalho com maior rigor, em termos matemáticos e de inferência estatística, fez com que fosse aumentada aceitação da técnica.

A análise de fatores tem objetivos que são similares àqueles da CP. A idéia básica é que pode ser possível descrever um conjunto de p variáveis $X_1, X_2, \dots, X_p$ em termos de um número menor de índices ou fatores e no processo obter uma melhor compreensão do relacionamento desta variáveis. Há, no entanto, uma diferença importante. A CP é baseada em combinações lineares das variáveis originais, enquanto que a AF é baseada em um modelo estatístico que gera índices ou fatores mais um termo residual que reflete o quanto a variável é independente das outras variáveis (MANLY, 2008).

A análise de fatores foi definida por Reys (1997) como uma técnica estatística multivariada que, a partir da estrutura de dependência existente entre as variáveis de interesse (em geral representada pelas correlações ou covariâncias entre essas variáveis), permite a criação de um conjunto menor de variáveis (variáveis latentes, ou fatores) obtidas como função das variáveis originais. Além disso, é possível saber o quanto cada fator está associado a cada variável (fatores específicos) e o quanto o conjunto de fatores explica em relação à variabilidade geral dos dados originais (fatores comuns). De acordo com Fernandes e Lima (1991), na composição desses fatores tem-se que:

- As variáveis mais correlacionadas se combinam dentro do mesmo fator, promovendo uma redução do número inicial de variáveis em um número reduzido de fatores;
- As variáveis que compõem um determinado fator são praticamente independentes das que constituem outro fator;
- A derivação dos fatores se processa visando maximizar a percentagem de variância total relativa a cada fator consecutivo.

5. MATERIAL E MÉTODOS

Foram analisados dados de 107.332 bovinos da raça Nelore, criados entre os anos de 1994 e 2009 em fazendas localizadas nos estados de São Paulo, Mato Grosso do Sul e Goiás pertencentes ao Programa de Seleção da raça Nelore da Agropecuária CFM Ltda.

Foram estimados os componentes de variância e parâmetros genéticos para as características de desempenho ponderal ao sobreano quais sejam o peso (PES18), perímetro escrotal (PE18), ganho de peso da desmama ao sobreano (GP345), precocidade de acabamento (PREC), musculosidade (MUSC), conformação (CONF), altura na garupa (ALT) e para a característica reprodutiva de idade ao primeiro parto (IPP). Para as estimativas foram utilizados modelos multicaracterísticas e três diferentes metodologias de análise: análise multicaracterísticas padrão, análise de componentes principais e análise de fatores. Estas duas últimas contemplaram os três primeiro componentes e fatores.

Para obtenção do GP345, foi utilizada a equação em (3), abaixo:

$$GP345 = ((PES18 - PESDES) \div NDEP) \times 345 \quad (3),$$

em que PES18 é o peso aos 18 meses de idade, PESDES corresponde ao peso à desmama; e NDEP, ao número de dias entre as pesagens de desmama e 18 meses de idade.

As medidas do PE18 foram feitas transversalmente, na região de maior diâmetro do escroto, com a utilização de fita métrica metálica. As características de conformação, precocidade e musculosidade foram mensuradas com base em escores visuais variando de 1 a 6, em escala progressiva do indesejável ao desejável. Esta medida é realizada após a visualização do lote de animais, no qual é atribuída uma nota, para depois ser visualizada e atribuída nota a cada um dos animais do lote. A ALT, foi obtida com a utilização de fita métrica instalada no interior da balança. A medida corresponde à distância em centímetros do solo à garupa.

As características de PES18, PE, MUSC, PREC, CONF e ALT foram mensuradas aos 18 meses de idade.

A idade ao primeiro parto (IPP) foi obtida como número de dias entre a data de nascimento da vaca e a data de seu primeiro parto registrado. Para este cálculo, foram excluídas as vacas desafiadas precocemente para a reprodução, ou seja, que entraram na reprodução com idade menor do que 16 meses. Este grupo representava uma pequena parcela da população e que apresentaria maior chance de parir aos 24 meses de idade. (PEREIRA et al., 2001).

5.1 Editoração do banco de dados

O arquivo de pedigree incluiu informações de 165.462 animais e a descrição de sua estrutura está representado na Tabela 5.

Tabela 5 – Estrutura referente ao banco de dados da população deste estudo, antes da análise de consistência.

Descrição	N
Nº de animais no Banco de dados	120.492,00
Nº de animais no pedigree	165.462,00
Nº de pais	1.293,00
Nº de mães	41.146,00
Nº de pais com dados de progênies	961,00
Nº de mães com dados de progênies	34.721,00
Nº de avôs maternos	77.977,00
Nº de avós paternos	43.700,00
Nº de avôs maternos	71.790,00
Nº de avós maternos	65.728,00
Nº de animais endogâmicos	38.973,00
Coeficiente de endogamia (%)	0,45

As informações contidas no banco de dados passaram por análises de consistência do arquivo bruto por meio de estatísticas descritivas realizadas com o programa SAS 9.3 (2012), onde, para todas as características estudadas foram excluídos: registros com menos de 20 animais por grupos de contemporâneos, dados superiores a 3,5 desvios padrão acima ou abaixo da média geral em cada característica, registros de animais com pais e mães desconhecidos e, touros com menos de cinco progênies. Além disso, os grupos de contemporâneos foram formados por meio da concatenação de fazenda ao nascimento, safra, sexo, grupo de manejo a desmama e grupo de manejo referente a cada característica.

Para a característica de IPP os grupos contemporâneos foram formados pela concatenação do ano de nascimento, fazenda de desmama, fazenda e grupo de

manejo aos 18 meses e, fazenda de reprodução. Uma descrição geral do conjunto de dados utilizado neste estudo após as consistências é mostrada na Tabela 6.

Tabela 6- Números de observações (N), média, desvio padrão (DP) e grupos de contemporâneos (GC), de características produtivas e reprodutivas de animais Nelore.

Características*	N	Médias	DP	GC
PES18	65.808	305,66	44,55	1.346
PE18	31.556	27,46	3,35	662
GP345	61.155	116,05	32,54	1.262
PREC	64.441	3,69	0,98	1.309
MUSC	65.293	3,57	1,05	1.331
CONF	65.311	3,70	0,96	1.332
ALT	63.849	136,06	6,96	1.310
IPP	12.337	1.106,06	4,01	493

* PES18= peso; PE18= perímetro escrotal; GP35= ganho de peso da desmama ao sobreano; PREC= precocidade de acabamento; MUSC= musculosidade; CONF= conformação; ALT= altura de garupa; IPP= idade ao primeiro parto.

5.2 Análises estatísticas

Para a estimação dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos, foram utilizados sete modelos multicaracterísticas:

1. Modelo multicaracterísticas, utilizando-se a análise multicaracterísticas padrão (MC);
2. Modelo multicaracterísticas, utilizando-se a análise de componentes principais contemplando o primeiro componente (MCP₁);
3. Modelos multicaracterísticas, utilizando-se a análise de componentes principais contemplando os dois primeiros componentes (MCP₂);
4. Modelo multicaracterísticas, utilizando-se a análise de componentes principais contemplando os três primeiros componentes (MCP₃);
5. Modelo multicaracterísticas, utilizando-se a análise de fatores contemplando o primeiro fator (MFA₁);
6. Modelo multicaracterísticas, utilizando-se a análise de fatores contemplando os dois primeiros fatores (MFA₂) e;
7. Modelo multicaracterísticas, utilizando-se a análise de fatores contemplando os três primeiros fatores (MFA₃).

Para a análise multicaracterísticas padrão, utilizou-se o modelo animal, por meio do método de máxima verossimilhança restrita, que pode ser representado como em (4).

$$y = X\beta + Z\alpha + e \quad (4),$$

em que y é o vetor de observações para as características estudadas; β é o vetor de soluções para os efeitos fixos; α é o vetor de soluções para os efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos; e é o vetor dos efeitos aleatórios residuais. X e Z são matrizes de incidência relacionando β , α e e ao y . Para o modelo tem-se as seguintes pressuposições em (5).

$$var = \begin{pmatrix} a \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} G_d \otimes A & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & R \otimes I_N \end{pmatrix} \quad (5),$$

em que G é matriz de variâncias de efeitos genéticos aditivos diretos; R representa a matriz de variâncias residuais, A é matriz de parentesco ou de covariâncias genéticas de Wright. I_N é uma matriz identidade de ordem igual ao número de animais com registros e $\otimes$ denota o produto direto entre as matrizes. Foi assumido que os efeitos genéticos aditivos diretos e residual não são correlacionados entre si.

As equações de modelos mistos são dadas por (6).

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_1 & X'R^{-1}Z_2 & X'R^{-1}W \\ Z_1'R^{-1}X & Z_1'R^{-1}Z_1 + \Sigma_\alpha^{-1} \otimes A^{-1} & Z_1'R^{-1}Z_2 & Z_1'R^{-1}W \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{\alpha} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R_y^{-1} \\ Z_1'R_y^{-1} \end{pmatrix} \quad (6),$$

em que X , Z_1 e Z_2 são matrizes que relacionam os vetores dos efeitos fixos, aleatórios e residuais ao vetor de soluções; X' e Z_1' são matrizes transpostas de X e Z_1 ; R^{-1} representa a inversa da matriz de variâncias residuais; W é uma matriz estimadora não enviesada; $\hat{\beta}$ e $\hat{\alpha}$ são vetores de soluções.

O modelo utilizado nas análises de componentes principais foi obtido por meio da reparametrização das equações utilizadas na MC, que produziu um modelo equivalente contemplando os componentes principais para o efeito genético aditivo direto. Em notação matricial os MCP_n podem ser representados pela equação

$$y = X\beta + Z_1^* a^* + Z_{2m} + W_p + e \quad (7),$$

em que $Z_1^* = Z_1(I_N \otimes Q_m)$ e $a^* = (I_N \otimes Q_m')a$, com $\text{var}(a^*) = A \otimes I_m$, e $Q_m = E_m(\Lambda_m)^{1/2}$. Nessas definições, E corresponde a matriz dos autovetores e_i , Λ a matriz diagonal dos autovalores λ_i e $\otimes$ denota o produto direto entre as matrizes. Assim, a matriz de (co) variâncias para o efeito genético aditivo direto (Σ_a) pode ser decomposta em termos de E e Λ , de forma que $\Sigma_a = E\Lambda E'$. Assumiu-se que λ_i e e_i são ordenados de forma decrescente em relação à magnitude dos λ_i . Para considerar apenas os n primeiros componentes principais, a matriz E foi substituída por E_m , gerando uma matriz de ordem $k \times n$, compreendendo as n primeiras colunas de E ($e_1, \dots, e_m$), sendo k o número de características consideradas na análise. O número de equações foi reduzido ao substituir Λ por uma submatriz Λ_m (KIRKPATRICK & MEYER, 2005). Nesse contexto, a equação (8) do modelo misto pode ser representada por:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_1^* & WR^{-1}Z_2 & X'R^{-1}W \\ (Z_1^*)'R^{-1}X & (Z_1^*)'R^{-1}Z_1^* + I_m \otimes A^{-1} & (Z_1^*)'R^{-1}Z_2 & (Z_1^*)'R^{-1}W \\ Z_2'R^{-1}X & Z_2'R^{-1}Z_1^* & Z_2'R^{-1}Z_2 + \Sigma_p^{-1} \otimes A^{-1} & Z_2'R^{-1}W \\ WR^{-1}X & WR^{-1}Z_1^* & WR^{-1}Z_2 & WR^{-1}W + \Sigma_p^{-1} \otimes I_{Nm} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{a}^* \\ \hat{m} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ (Z_1^*)'R^{-1}y \\ Z_2'R^{-1}y \\ W'R^{-1}y \end{bmatrix} \quad (8),$$

Nos modelos MFA_n o efeito genético aditivo direto foi explicado por m fatores comuns independentes (c) e k fatores específicos (s). Assumiu-se que a matriz de (co) variâncias para o efeito genético aditivo direto foi dada por $\Sigma_a = \Gamma\Gamma' + \Psi$, em que: Γ é a matriz de cargas fatoriais (ordem $k \times m$) e Ψ é a matriz das variâncias dos fatores específicos, sendo esta uma matriz diagonal de ordem k . Em notação matricial, o modelo é representado como:

$$y = X\beta + Z_1c + Z_2s + Z_{2m} + W_p + e \quad (9),$$

em que c representa o vetor de fatores comuns (de comprimento mN) e s representa o vetor de fatores específicos (de comprimento km), sendo m o número de fatores comuns considerado. Assim, tem-se: $Z_1^+ = Z_1(I_N \otimes \Gamma_m)$, $a^+ = (I_N \otimes \Gamma_m)c + s$,

$c = (I_N \otimes \Gamma_m' \Sigma^{-1})a$ e $s = (I_N \otimes \Psi \Sigma^{-1})a$, com $Var(c) = I_m \otimes A$ e $Var(s) = \Psi \otimes A$ (THOMPSON et al., 2003; MEYER, 2009). A equação dos modelos mistos para MFA_n está em (11).

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_1^+ & X'R^{-1}Z_1 & X'R^{-1}Z_2 & X'R^{-1}W \\ (Z_1^+)'R^{-1}X & (Z_1^+)'R^{-1}Z_1^+ + I_m \otimes A^{-1} & (Z_1^+)'R^{-1}Z_1 & (Z_1^+)'R^{-1}Z_2 & (Z_1^+)'R^{-1}W \\ Z_1'R^{-1}X & Z_1'R^{-1}Z_1^+ & Z_1'R^{-1}Z_1 + \Psi^{-1} \otimes A^{-1} & Z_1'R^{-1}Z_2 & Z_1'R^{-1}W \\ Z_2'R^{-1}X & Z_2'R^{-1}Z_1^+ & Z_2'R^{-1}Z_1 & Z_2'R^{-1}Z_2 + \Sigma_m^{-1} \otimes A^{-1} & Z_2'R^{-1}W \\ W'R^{-1}X & W'R^{-1}Z_1^+ & W'R^{-1}Z_1 & W'R^{-1}Z_2 & W'R^{-1}W + \Sigma_p^{-1} \otimes I_{Nm} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{c} \\ \hat{s} \\ \hat{m} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ (Z_1^+)'R^{-1}y \\ Z_1'R^{-1}y \\ Z_2'R^{-1}y \\ W'R^{-1}y \end{bmatrix} \quad (11)$$

Em todos os modelos as seguintes observações foram consideradas:

- como efeitos fixos classificatórios, os grupos de contemporâneos para cada característica e, o sexo do bezerro apenas para a característica de idade ao primeiro parto;
- como (co)variáveis, a idade da mãe ao parto (efeito linear e quadrático); idade à desmama (apenas para GP345); idade ao sobreano para PES18, PE18, GP345, PREC, MUSC, CONF e ALT;
- como efeitos aleatórios, o efeito genético aditivo de animal e o residual.

Os componentes de (co) variâncias e os parâmetros genéticos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), utilizando o software WOMBAT (MEYER, 2006), e foi computado o tempo gasto para o término das análises, utilizando-se a função “--time”.

Os modelos foram comparados por critérios de informação de Akaike (*AIC*) (AKAIKE, 1973) e Bayesiano de Schwarz (*BIC*) (SCHWARZ, 1998). Os testes de AIC e BIC permitem uma comparação entre os modelos não aninhados e penalizam aqueles com maior número de parâmetros, sendo que o BIC atribui uma penalidade mais rigorosa. Os critérios de informação são representados como em (12) e em (13), respectivamente.

$$AIC = -2 \log L + 2p \quad (12),$$

$$BIC = -2 \log L + p \log(N - r) \quad (13),$$

em que p corresponde ao número de parâmetros do modelo, N é o número total de observações, r é o posto da matriz de incidência dos efeitos fixos no modelo e $\log L$ é

a função logarítmica de máxima verossimilhança restrita. Menores valores para AIC e BIC indicam melhor ajuste.

6. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas de variâncias em cada modelo estudado, estão apresentados nas Tabelas 7, 8 e 9.

Tabela 7- Variâncias genéticas aditivas (σ_a^2), residuais (σ_e^2) e fenotípicas (σ_p^2) de características produtivas e reprodutivas de animais Nelore, obtidas por análise multicaracterísticas

Característica	σ_a^2	σ_e^2	σ_p^2
PES18	250,41	334,16	584,58
PE18	3,80	3,15	6,96
GP345	94,03	251,86	345,89
PREC	0,14	0,52	0,66
MUSC	0,15	0,54	0,70
CONF	0,13	0,49	0,62
ALT	4,63	7,44	12,07
IPP	0,50	7,74	8,24

* PES18= peso; PE18= perímetro escrotal; GP35= ganho de peso da desmama ao sobreano; PREC= precocidade de acabamento; MUSC= musculosidade; CONF= conformação; ALT= altura de garupa; IPP= idade ao primeiro parto.

Tabela 8- Variâncias genéticas aditivas (σ_a^2), residuais (σ_e^2) e fenotípicas (σ_p^2) de características produtivas e reprodutivas de animais Nelore, estimadas por análise de componentes principais contemplando os três primeiros componentes (MCP).

Característica	σ_a^2	σ_e^2	σ_p^2
MCP₁			
PES18	182,71	389,23	571,93
PE18	0,17	6,31	6,48
GP345	3,43	324,20	327,63
PREC	0,02	0,63	0,65
MUSC	0,02	0,66	0,68
CONF	0,08	0,53	0,62
ALT	2,37	9,26	11,64
IPP	0,01	8,23	8,23
MCP₂			
PES18	189,86	376,82	566,69
PE18	2,00	4,76	6,76
GP345	35,78	290,61	326,39
PREC	0,08	0,57	0,65
MUSC	0,08	0,60	0,68
CONF	0,08	0,53	0,61
ALT	2,53	9,06	11,60
IPP	0,03	8,19	8,23
MCP₃			
PES18	196,87	378,30	575,17
PE18	2,80	4,14	6,95
GP345	68,55	275,25	343,80
PREC	0,08	0,57	0,65
MUSC	0,08	0,60	0,68
CONF	0,08	0,53	0,62
ALT	2,82	8,83	11,66
IPP	0,06	8,16	8,23

* PES18= peso; PE18= perímetro escrotal; GP35= ganho de peso da desmama ao sobreano; PREC= precocidade de acabamento; MUSC= musculosidade; CONF= conformação; ALT= altura de garupa; IPP= idade ao primeiro parto.

Tabela 9- Variâncias genéticas aditivas (σ_a^2), residuais (σ_e^2) e fenotípicas (σ_p^2) de características produtivas e reprodutivas de animais Nelore, estimadas por análise de fatores contemplando os três primeiros fatores (MFA).

Característica	σ_a^2	σ_e^2	σ_p^2
MFA₁			
PES18	191,27	369,71	581,94
PE18	0,28	3,21	6,96
GP345	17,68	282,76	344,83
PREC	0,08	0,57	0,66
MUSC	0,07	0,60	0,69
CONF	0,11	0,49	0,63
ALT	2,05	7,84	11,92
IPP	0,01	7,71	8,25
MFA₂			
PES18	96,28	364,65	578,54
PE18	0,34	3,18	6,96
GP345	24,73	268,24	344,31
PREC	0,13	0,53	0,66
MUSC	0,13	0,55	0,69
CONF	0,11	0,50	0,62
ALT	3,77	7,60	12,02
IPP	0,02	7,71	8,25
MFA₃			
PES18	c	364,52	578,84
PE18	0,44	3,19	6,96
GP345	38,53	267,98	344,70
PREC	0,13	0,53	0,66
MUSC	0,13	0,56	0,70
CONF	0,11	0,51	0,62
ALT	3,79	7,60	12,03
IPP	0,03	7,72	8,25

* PES18= peso; PE18= perímetro escrotal; GP35= ganho de peso da desmama ao sobreano; PREC= precocidade de acabamento; MUSC= musculosidade; CONF= conformação; ALT= altura de garupa; IPP= idade ao primeiro parto.

Os menores componentes de (co)variâncias aditiva em todas as características podem ser observados nas análises MCP₁, bem como para as (co)variâncias residuais nas análises MC e (co)variâncias fenotípicas nas análises MCP₂.

A estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos exige conhecimento das magnitudes das variâncias genéticas aditivas e fenotípicas da característica avaliada ou de sua herdabilidade. Essas variâncias geralmente são desconhecidas, o que torna necessário estimar primeiro os componentes de (co)variância e depois os parâmetros genéticos e fenotípicos (CARNEIRO et al., 2004). De acordo com Silva et al. (2009),

diferentes métodos para estimar componentes de (co)variâncias apresentam diferentes propriedades e não existe um consenso a respeito de quais propriedades são as mais desejáveis em um método, o que explica a existência de grande número de métodos existentes, além de explicar os diferentes valores encontrados em cada método para cada característica estudada.

Quanto aos ajustes dos modelos estudados pode-se observar (Tabela 10) que o modelo que apresentou melhor ajuste foi o MFA₂ seguido do MFA₃, uma vez que estes apresentaram menor critério de BIC. Bignardi et al. (2012) e Boligon et al. (2015) ao estudarem características produtivas de rebanhos bovinos leiteiros e de corte, respectivamente, identificaram os modelos que utilizaram a análise de componentes principais como tendo melhores ajustes, afirmando que as análises multivariadas para estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos permitem a redução do viés das estimativas quando se utiliza um grande número de características fenotípicas simultaneamente.

Tabela 10- Número de parâmetros (p), função de verossimilhança (2log L), critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC) e tempo (T) gasto, obtidos na estimativa de componentes de (co) variância e parâmetros genéticos de características produtivas e reprodutivas de animais Nelore, utilizando modelo multicaracterísticas (MC), de componentes principais contemplando o primeiro (MCP₁), segundo (MCP₂) e os três primeiros componentes (MCP₃), modelo de análise de fatores contemplando o primeiro (MFA₁), segundo (MFA₂) e o três primeiros fatores (MFA₃)

Modelo	p	Log L	AIC	BIC	T (segundos)
MC	72	-549.815,05	1.099.772	1.100.550	1.424.134
MCP ₁	44	-554.942,495	1.109.971	1.110.441	103.842
MCP ₂	51	-553.043,707	1.106.187	1.106.734	109.970
MCP ₃	57	-551.842,95	1.103.797	1.104.411	161.621
MFA ₁	52	-550.650,531	1.101.403	1.101.961	636.882
MFA ₂	59	-549.860,295	1.099.836	1.100.471	703.138
MFA ₃	65	-549.851,716	1.099.831	1.100.532	851.333

* PES18= peso; PE18= perímetro escrotal; GP35= ganho de peso da desmama ao sobreano; PREC= precocidade de acabamento; MUSC= musculosidade; CONF= conformação; ALT= altura de garupa; IPP= idade ao primeiro parto.

Apesar de apresentarem melhores ajustes, os MFA₂ e MFA₃ tiveram critérios de AIC e BIC bem próximos ao encontrado nos outros modelos estudados, porém estes dois modelos não apresentaram maior rapidez de convergência. As análises com convergência mais rápida foram as MCP_n, entretanto ao se observar os

coeficientes de herdabilidade e correlações genéticas obtidas pela MCP₁ verifica-se que os valores encontrados em algumas características se encontram bem distantes dos outros modelos estudados.

O tempo gasto para realização das análises utilizando as técnicas multivariadas foi bem inferior ao tempo gasto nas análises multicaracterísticas padrão, porém, apesar de terem sido estimadas em uma mesma máquina, elas não foram rodadas individualmente, o que pode ter afetado a velocidade em que são realizadas as estimativas, subestimando o tempo real de análise.

Os coeficientes de herdabilidade obtidos em cada modelo estudado estão representados na tabela 11.

Tabela 11- Coeficientes de herdabilidade de características produtivas e reprodutivas de animais Nelore, estimados por modelo multicaracterísticas (MC), de componentes principais contemplando o primeiro (MCP1), segundo (MCP2) e os três primeiros componentes (MCP3) e o primeiro (MFA1), segundo (MFA2) e os três primeiros fatores (MFA3).

Modelo	PES18	PE18	GP345	PREC	MUSC	CONF	ALT	IPP
MC	0,43	0,55	0,27	0,22	0,22	0,21	0,38	0,06
MCP1	0,32	0,02	0,01	0,04	0,04	0,14	0,20	0,01
MCP2	0,34	0,30	0,11	0,13	0,12	0,13	0,22	0,01
MCP3	0,34	0,40	0,20	0,13	0,13	0,13	0,24	0,01
MFA ₁	0,33	0,04	0,05	0,12	0,11	0,18	0,17	0,01
MFA ₂	0,34	0,05	0,07	0,20	0,20	0,18	0,31	0,01
MFA ₃	0,34	0,06	0,11	0,19	0,20	0,18	0,32	0,01

* PES18= peso; PE18= perímetro escrotal; GP35= ganho de peso da desmama ao sobreano; PREC= precocidade de acabamento; MUSC= musculosidade; CONF= conformação; ALT= altura de garupa; IPP= idade ao primeiro parto.

Observa-se que os coeficientes de herdabilidade para cada característica apresentaram-se diferentes nos modelos estudados e, que as estimativas obtidas nos modelos MCP1 (para as características de PE18, GP345, PREC e MUSC) e, MFA1, MFA₂ e MFA₃ (para as características de PE18 e GP345) foram muito divergentes dos valores encontrados nos outros modelos, além de, apresentarem-se próximos de zero. Isto indica que nesses quatro modelos essas características não apresentaram boa convergência, apesar de, o modelo MFA3 mostrar-se com melhor critério de *BIC*.

Os coeficientes de herdabilidade estimados para PES18 (Tab. 11) mostram-se de alta magnitude em todos os modelos estudados, indicando a existência de um importante componente genético aditivo, o que sugere que a seleção utilizando estas

características pode promover progresso genético quando se objetiva melhorar o peso dos animais ou melhorar os índices reprodutivos no rebanho avaliado.

Para PE18 as estimativas diferiram de magnitude, sendo alta quando se utilizou MC, baixa nos modelos MCP₁ e MFA_n e, moderada nos modelos MCP₂ e MCP₃. Foram encontrados relatos de estimativas de herdabilidade entre 0,37 a 0,49 (BOLIGON et al., 2007; LAUREANO et al.; 2011; SANTANA et al., 2012; SANTANA et al., 2013 e PEDROSA et al., 2014). Ao se basear nos valores relatados na literatura observa-se que uma boa estimativa foi obtida apenas nos modelos MC, MCP₂ e MCP₃. Esta característica é utilizada nas avaliações genéticas, por possuir relação com a precocidade sexual, libido e qualidade espermática de touros e com o desenvolvimento ponderal dos animais (PEREIRA et al., 2000; BOLIGON et al., 2007), indicando que a seleção baseada nesta característica promoverá ganhos reprodutivos no rebanho.

Coeficientes de herdabilidade de moderada magnitude foram estimados para as características de GP345, PREC, CONF, MUSC (Tabela 11), exceto quando se utilizou o modelo MCP₁ no qual o valor encontrado foi muito inferior (baixa magnitude) aos outros encontrados, indicando que a utilização do MCP₁ pode não ter propiciado uma boa estimativa. Entretanto, segundo Cardoso et al. (2004) é comum observar escores visuais com magnitude de baixa a moderada herdabilidade (PREC, CONF, MUSC e ALT) e em alguns casos encontra-se grande variação nas estimativas, mas isso se deve às diferenças entre os sistemas de avaliações, número de dados e os modelos utilizados (CARDOSO et al., 2004).

O coeficiente de herdabilidade estimado para ALT mostrou-se alto quando se utilizou o MC e de moderada magnitude nos MCP₁, MCP₂, MCP₃, MFA₁, MFA₂ e MFA₃. Esta característica apresentou um bom potencial para seleção, independente do modelo utilizado. Coeficientes de herdabilidade para ALT para bovinos Nelore (valores próximos ao encontrado no presente estudo) também foram relatados por Pedrosa et al. (2010) e Santana et al. (2013).

O coeficiente de herdabilidade estimado para a IPP foi próximo de zero em todos os modelos estudados, sendo considerada muito baixa. Estudos também relataram baixo coeficiente de herdabilidade para esta característica (GROSSI et al., 2009; BOLIGON et al., 2010 e ELER et al., 2014). A IPP só apresenta herdabilidade mais alta se as fêmeas são desafiadas jovens (12 a 16 meses) (PEREIRA et al., 2001). Para fêmeas que iniciam a reprodução aos dois anos, a variabilidade genética é

pequena, pois no momento da estação de monta, praticamente todas as vacas já atingiram a puberdade.

Os coeficientes de correlação genética entre as características em estudo estão representados na Tabela 12, 13 e 14.

Tabela 12- Coeficientes de correlação genética (abaixo da diagonal) e erro padrão (acima da diagonal) entre características produtivas e reprodutivas de animais Nelore, estimadas por modelo multicaracterísticas

Característica	PES18	PE18	GP345	PREC	MUSC	CONF	ALT	IPP
PES18	-----	0,006	0,003	0,003	0,003	0,003	0,004	0,013
PE18	0,36	-----	0,003	0,003	0,003	0,003	0,007	0,019
GP345	0,72	0,24	-----	0,004	0,004	0,004	0,005	0,013
PREC	0,59	0,26	0,47	-----	0,001	0,002	0,005	0,012
MUSC	0,58	0,25	0,46	0,88	-----	0,002	0,005	0,012
CONF	0,63	0,24	0,43	0,69	0,67	-----	0,004	0,012
ALT	0,51	0,14	0,29	0,21	0,19	0,38	-----	0,013
IPP	-0,06	-0,02	-0,07	-0,07	-0,08	-0,04	0,01	-----

* PES18= peso; PE18= perímetro escrotal; GP35= ganho de peso da desmama ao sobreano; PREC= precocidade de acabamento; MUSC= musculosidade; CONF= conformação; ALT= altura de garupa; IPP= idade ao primeiro parto.

Tabela 13- Coeficientes de correlação genética (abaixo da diagonal) e erro padrão (acima da diagonal) entre características produtivas e reprodutivas de animais Nelore, estimadas por análise de componentes principais contemplando os três primeiros componentes.

Característica	PES18	PE18	GP345	PREC	MUSC	CONF	ALT	IPP
MCP₁								
PES18	----	0,004	0,002	0,003	0,003	0,002	0,003	0,012
PE18	0,38	----	0,005	0,005	0,005	0,005	0,005	0,003
GP345	0,71	0,25	----	0,003	0,003	0,003	0,004	0,013
PREC	0,59	0,27	0,46	----	0,001	0,002	0,004	0,012
MUSC	0,57	0,26	0,46	0,88	----	0,002	0,004	0,012
CONF	0,62	0,25	0,43	0,69	0,67	----	0,004	0,012
ALT	0,51	0,16	0,28	0,21	0,19	0,38	----	0,013
IPP	-0,06	0,00	-0,07	-0,07	-0,08	-0,04	0,00	----
MCP₂								
PES18	----	0,005	0,002	0,003	0,003	0,002	0,003	0,012
PE18	0,39	----	0,005	0,005	0,005	0,005	0,006	0,009
GP345	0,72	0,28	----	0,003	0,003	0,003	0,004	0,013
PREC	0,59	0,28	0,47	----	0,001	0,002	0,004	0,012
MUSC	0,57	0,27	0,47	0,88	----	0,002	0,004	0,012
CONF	0,62	0,25	0,42	0,68	0,67	----	0,004	0,012
ALT	0,49	0,13	0,26	0,20	0,18	0,37	----	0,013
IPP	-0,07	-0,03	-0,07	-0,08	-0,08	-0,04	0,01	----
MCP₃								
PES18	----	0,005	0,002	0,003	0,003	0,003	0,003	0,012
PE18	0,37	----	0,006	0,005	0,005	0,005	0,006	0,010
GP345	0,72	0,24	----	0,003	0,003	0,003	0,004	0,013
PREC	0,59	0,27	0,47	----	0,001	0,002	0,004	0,012
MUSC	0,57	0,26	0,47	0,88	----	0,002	0,004	0,012
CONF	0,62	0,25	0,43	0,68	0,67	----	0,004	0,012
ALT	0,50	0,13	0,27	0,20	0,19	0,37	----	0,012
IPP	-0,07	-0,02	-0,07	-0,08	-0,08	-0,04	0,01	----

* PES18= peso; PE18= perímetro escrotal; GP35= ganho de peso da desmama ao sobreano; PREC= precocidade de acabamento; MUSC= musculosidade; CONF= conformação; ALT= altura de garupa; IPP= idade ao primeiro parto.

Tabela 14- Coeficientes de correlação genética (abaixo da diagonal) e erro padrão (acima da diagonal) entre características produtivas e reprodutivas de animais Nelore, estimadas por análise fatores contemplando os três primeiros fatores.

Característica	PES18	PE18	GP345	PREC	MUSC	CONF	ALT	IPP
MFA₁								
PES18	----	0,014	0,004	0,005	0,005	0,006	0,008	0,019
PE18	0,36	----	0,010	0,010	0,010	0,011	0,012	0,012
GP345	0,72	0,25	----	0,004	0,004	0,005	0,007	0,015
PREC	0,60	0,26	0,47	----	0,001	0,003	0,007	0,015
MUSC	0,59	0,25	0,47	0,87	----	0,003	0,007	0,015
CONF	0,62	0,25	0,43	0,70	0,68	----	0,007	0,016
ALT	0,50	0,17	0,29	0,25	0,23	0,37	----	0,01
IPP	-0,07	0,00	-0,07	-0,07	-0,07	-0,04	0,00	----
MFA₂								
PES18	----	0,015	0,004	0,006	0,006	0,005	0,008	0,02
PE18	0,36	----	0,010	0,012	0,012	0,011	0,015	0,01
GP345	0,71	0,25	----	0,006	0,006	0,005	0,008	0,01
PREC	0,59	0,26	0,47	----	0,002	0,004	0,008	0,01
MUSC	0,58	0,26	0,46	0,88	----	0,004	0,008	0,01
CONF	0,63	0,24	0,43	0,69	0,67	----	0,007	0,01
ALT	0,50	0,15	0,28	0,20	0,19	0,38	----	0,01
IPP	-0,06	0,00	-0,07	-0,07	-0,08	-0,04	0,01	----
MFA₃								
PES18	----	0,015	0,004	0,006	0,006	0,005	0,008	0,02
PE18	0,36	----	0,015	0,013	0,013	0,012	0,016	0,01
GP345	0,72	0,24	----	0,006	0,006	0,006	0,008	0,01
PREC	0,59	0,26	0,47	----	0,002	0,004	0,008	0,01
MUSC	0,58	0,25	0,46	0,88	----	0,004	0,008	0,01
CONF	0,63	0,24	0,43	0,69	0,67	----	0,007	0,01
ALT	0,50	0,15	0,28	0,20	0,19	0,38	----	0,01
IPP	-0,06	0,00	-0,07	-0,07	-0,08	-0,04	0,01	----

* PES18= peso; PE18= perímetro escrotal; GP35= ganho de peso da desmama ao sobreano; PREC= precocidade de acabamento; MUSC= musculosidade; CONF= conformação; ALT= altura de garupa; IPP= idade ao primeiro parto.

Pode-se verificar que a correlação genética entre PES18 com as outras seis características de desempenho estudadas, apresentaram-se positivas e de moderada magnitude em todos os modelos avaliados (Tab. 12, 13 e 14). Estes resultados indicam que o peso ao sobreano está diretamente relacionado com o ganho de peso e o desenvolvimento corporal do animal (que é mensurado por meio das características de escores visuais) e que a seleção baseada nesta característica permite maiores ganhos quando se deseja melhorar o desenvolvimento ponderal do rebanho.

Os resultados obtidos para correlação genética entre PES18 com GP345, PREC, CONF, MUSC e ALT mostraram-se em conformidade aos relatados por Santana et al. (2013) que estudaram a correlação genética entre PES18 com GP345, PES18 com PE18 em duas diferentes populações (Nelore e bovinos compostos) e observaram na população de Nelore coeficientes de 0,78 (para PES18 com GP345) 0,40 (PES18 com PE18). Koury Filho et al. (2009) também relataram moderada a alta correlação entre o PES18 com as características de escores visuais. Esses resultados indicam que a seleção para o PES18 poderá promover respostas em características de escores visuais e que o perímetro escrotal apresenta correlação positiva e de moderada a alta magnitude com características de crescimento. Esta última afirmação também pode ser comprovada ao se observar a moderada correlação obtida entre o PE18 e o GP345.

As características de escores visuais, MUSC, PREC e CONF apresentaram-se fortemente correlacionadas entre si em todos os modelos estudados. Santana et al. (2013) relataram também forte correlação genética entre PREC e MUSC. Esta alta correlação indica que animais com fenótipos mais precoces apresentam maior desenvolvimento de massa muscular e sugerem que existe uma dependência genética entre os escores (KOURY FILHO et al., 2009). Além disso, essas características de escores visuais apresentam moderada correlação genética com o ganho de peso da desmama ao sobreano, indicando também que o ganho de peso promove maior desenvolvimento de massa muscular, precocidade e conformação.

A ALT apesar de ser uma característica de escore visual mostrou-se fracamente correlacionada com a PREC e MUSC e, moderadamente correlacionada com a CONF, sugerindo que a seleção baseada na altura pode influenciar pouco na precocidade de acabamento e na quantidade de músculo presente. Porém, ela também apresentou forte correlação genética com características de peso e ganho de peso (PES18 e GP345) indicando que a seleção de animais baseada apenas no peso e no ganho de peso dos animais (visto que a correlação genética entre ALT e PES18 encontrada foi moderadamente correlacionada), em longo prazo pode levar à produção de animais mais altos que, em determinados ambientes, podem ser mais tardios e menos eficientes, sendo, portanto, importante a inclusão desta característica na seleção de bovinos Nelore (PEREIRA et al., 2010). Moderada correlação genética entre ALT e GP345 também foi relatada por Santana et al. (2013) e Eler et al. (2014).

A idade ao primeiro parto apresentou fraca correlação genética com todas as outras sete características, ela mostrou-se negativa em todas as características exceto quando correlacionada com a ALT, em todos os modelos estudados. Isso indica que a seleção baseada no crescimento mensurada pela altura pouco poderá afetar a precocidade das novilhas (SILVA et al., 2003). Conforme Pereira et al. (2010) é desejável que se obtenha fracos e negativos coeficientes de correlação genética entre IPP e PE18, pois isto demonstra que a seleção de reprodutores, quanto ao maior perímetro escrotal fornece em resposta correlacionada, menor idade ao primeiro parto de sua progênie. Quando se analisa a IPP correlacionada geneticamente com as características de escores visuais (PREC, CONF, MUSC), com PES18 e GP345, pode se perceber que novilhas com maior potencial de peso, ganho de peso e desenvolvimento corporal tendem a ser mais precoces, mesmo que em baixa magnitude.

Ao se analisar os coeficientes de correlações genéticas obtidas no presente estudo, pode-se afirmar que estes apresentaram valores diferentes em cada modelo estudado, porém, não houve mudanças nas magnitudes (fraca, modera e altamente correlacionadas), indicando que a utilização das técnicas multivariadas não afetou os coeficientes de correlação genética entre as características estudadas. Já Boligon et al. (2015) relataram valores de correlação genética entre características de bovinos de corte, discretamente superiores quando se utilizou a análise de componentes principais comparada com as análises multicaracterísticas. De acordo com estes autores, os componentes principais permitiram reduzir o número de parâmetros a serem estimados e melhoraram a qualidade do ajuste. No presente estudo, as análises de MCP_n e MFA_n também reduziram o número de parâmetros a serem estimados quando comparados ao MC, porém, isso não modificou significativamente os coeficientes de correlação genética estimados, assim como relatado por Tyriseva et al. (2011), que também utilizaram análises multivariadas para estimar parâmetros genéticos em bovinos de corte, e relataram que ao usar os modelos MCP_n e MFA_n houve consistência entre os coeficientes de correlação genéticas obtidos pelas duas técnicas multivariadas.

7. CONCLUSÃO

O modelo que utilizou a técnica da análise de fatores contemplando os dois primeiros fatores (MFA_2) apresentou melhor ajuste aos dados, seguido do modelo que contemplou os 3 primeiros fatores (MFA_3).

Conforme o modelo com melhor ajuste (MFA_3) todas as características estudadas apresentaram uma importante variação genética aditiva e um potencial de ser usadas como critérios de seleção, mostrando que a seleção baseada em oito características simultâneas permite promover ganhos genéticos no rebanho. As características de PES18, PE18 e ALT apresentaram boas correlações genéticas, mostrando que a seleção baseada nestas características promoverá melhor crescimento e desenvolvimento ponderal e melhores índices reprodutivos no rebanho.

8. REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

ASSIS, R. E. F. **Evolução da espécie *Bos taurus* e formação das Raças Zebuínas (*Bos taurus indicus*) com ênfase na Raça Nelore.** “Trabalho de conclusão de curso de graduação apresentada às Faculdades Associadas de Uberaba”, Uberaba, 2007.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDUSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNES, **Artigo técnico: Pecuária Brasileira.** Disponível em: http://www.abiec.com.br/3_pecuaria.asp. Acessado em agosto de 2016.

BERGMANN, J.A.G. et al. Estimativas de parâmetros genéticos do perímetro escrotal e do peso corporal em animais da raça Nelore. **Arquivo. Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.48, p.69-78, 1996.

BIGNARDI, A. B. et al. Short communication: Principal components and factor analytic models for test-day milk yield in Brazilian Holstein cattle. **Journal of dairy science**, v. 95, n. 4, p. 2157-2164, 2012.

BOLIGON, A. A., ALBUQUERQUE, L. G. D., MERCADANTE, M. E. Z., & LÔBO, R. B. Study of relations among age at first calving, average weight gains and weights from weaning to maturity in Nellore cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 39(4), 746-751, 2010.

BOLIGON, A.A. et al. Parâmetros genéticos para diferentes relações de peso ao nascer e à desmama em vacas da raça Nelore. **Ciência Rural**, v. 43, n. 4, 2013.

BOLIGON, A.A. et al. Reduced-rank models of growth and reproductive traits in Nelore cattle. **Theriogenology**, v.83, p. 1338-43, 2015.

BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; RORATO, P.R.N. Associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 4, p. 596-601, 2008.

BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; RORATO, P.R.N. Associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 4, p. 596-601, 2008.

BRASIL. Ministério do Planejamento, Orçamento e Gestão. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Contagem Populacional. Disponível em: http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/populacao/estimativa2015/estimativa_dou.shtm. Acesso em 2015.

BRINKS, J.S.; MCINERNEY, M. J.; CHENOWETH, P.J. Relationship of age at puberty in heifers to reproductive traits in young bulls. In: **Proc. West. Sect. Am. Soc. Anim. Sci.** p. 28-30, 1978.

BURT, C. The vector of the mind: an introduction to factor analysis in psychology. **Mc.Millan**, New York, 1941.

CAMPOS, L.T.; CARDOSO, F.F. Programa de melhoramento de bovinos de carne: manual do usuário. **Associação Nacional de criadores**, Pelotas, SC, 1995.

CARDOSO, F. F.; FERRAZ, J. B. S. Multi-trait linear reaction norm model to describe the pattern of phenotypic expression. Of some economic trait in beef cattle across a range of environments. **Journal of Applied Genetics**, 56(2), p. 219-229, 2014.

CARNEIRO JR., J.M et al. Avaliação de métodos de estimação de componentes de variância utilizando dados simulados. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.2, p.328-336, 2004.

de ALENCAR, M.M. **Perspectivas para o melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil**, 2004. Disponível em <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CPPSE/15172/1/PROCIMMA2004.00003.pdf>. Acessado em agosto de 2016.

DIAS, L. T.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. de. Estimativas de herdabilidade para idade ao primeiro parto de novilhas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 1, p. 97-102, 2004.

DUITAMA, L.O. et al. Estimação de parâmetros genéticos para escores visuais e características de desenvolvimento ponderal na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.67, n.4, p.1111-1118. 2015.

ELER, J. P. et al. Genetic correlation between heifer pregnancy and scrotal circumference measured at 15 and 18 months of age in Nelore cattle. **Genetic Molecular Research**, v. 5, n. 4, p. 569-580, 2006.

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

ELER, J. P.; BIGNARDI, A. B.; FERRAZ, J. B. S.; & SANTANA, M. L. Genetic relationships among traits related to reproduction and growth of Nelore females. **Theriogenology**, 82(5), 708-714, 2014.

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

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

ELER, J.P. **Teorias e Métodos em Melhoramento Genético Animal 3 volumes**, 2008. Pirassununga.

EUCLIDES FILHO, Kepler. Evolução do melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil. **Ceres**, v. 56, n. 5, 2009.

FARIA, C.U.; MAGNOBOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. Análise genética de escores de avaliação visual de bovinos com modelos bayesianos de limiar e linear. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.3, p.835-841, 2008.

FERRAZ FILHO, J.B.S. et al. **Sumário de Touros Marchigiana 2006**, p. 35, 2006.

FERRIANI, L. et al. Parâmetros genéticos de características de carcaça e de crescimento de bovinos da raça Nelore. **Archivos de Zootecnia**, v.62, n.237, p.123-129, 2013.

FORNI, S.; FEDERICI, J.D.F. & ALBUQUERQUE, L.D. 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.

FREITAS, A.R.; SOUZA, J.F.; MOREIRA, A.. Predição da precocidade sexual em bovinos da raça Nelore por meio de componentes principais. **Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, v.54, n.2, p. 153-158, 2011.

FRIES, L.A. Uso de escores visuais em programas de seleção para a produtividade em gado de corte. In: SEMINÁRIO NACIONAL REVISÃO DE CRITÉRIOS DE JULGAMENTO E SELEÇÃO EM GADO DE CORTE, 1., 1996, Uberaba. **Anais...** Uberaba: Associação Brasileira de Criadores de Zebu, 1996. p.1-6.

FRIZZAS, O.G. et al. Heritability estimates and genetic correlations for body weight and scrotal circumference adjusted to 12 and 18 months of age for male Nelore cattle. **Animal**, v.3, n.3, p. 347-51, 2008.

GARNERO, A.D.V. et al. Influência da incorporação de dados de progênes na classificação de touros da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.2, p. 918-923, 2002.

GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L.; IM, S.; FOULLEY, J.L. Likelihood estimation of quantitative genetic parameters when selection occurs: models and problems. **Genome**, Ottawa, v.31, p.768-777, 1989.

GROSSI, D.A.; FRIZZAS, O.G.; PAZ, C.C.P.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B.; OLIVEIRA, J.A. et al. Genetic associations between accumulated productivity, and reproductive and growth traits in Nelore cattle. **Livestock Science**, 117, 139-46, 2008.

HAIR, J. F. et al. **Análise multivariada de dados**. Bookman, 2007.

HARTLEY, H.O.; RAO, J.N.K. Maximum likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. **Biometrika**, London, v.54, n.1/2, p.93-108, 1967.

HENDERSON, C. R. & QUAAS, R. L. Multiple trait evaluation using relatives' records. *Journal of Animal Science*, v. 43, n. 6, p. 1188-1197, 1976.

HOTELLING, H. Analysis of a complex of statistical variables into principal components. *Journal Educational Psychology*, v.24, p.417-441, 1933. IN: MANLY,

B. J. F.; Métodos Estatísticos Multivariados- Uma introdução. 3º edição, Porto alegre, Bookman, 2008, 229p.

JORGE JÚNIOR, J.J. et al. Influência de Alguns Fatores de Ambiente sobre os Escores de Conformação , Precocidade e Musculatura à Desmama em um Rebanho da Raça Nelore, **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.6, p. 1697-1703, 2001.

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

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

KOURY FILHO, W. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para os escores visuais e suas associações com peso corporal em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, n.5, p.1015-1022, 2010.

LAUREANO, M.M. et al., Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.63, n.1, p. 143-152, 2011.

LÔBO, R.N.B. & LOBO, A.M.B.O. Melhoramento genético como ferramenta para o crescimento e o desenvolvimento da ovinocultura de corte. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v.31, n.2, p. 247-253, 2007.

MANLY, B. J. F.; **Métodos Estatísticos Multivariados- Uma introdução.** 3º edição, Porto alegre, Bookman, 2008, 229p.

MARTÍNEZ-VELÁZQUEZ, G.; GREGORY, K.E.; BENNETT, G.L.; VAN VLECK, L.D. Genetic relationship between scrotal circumference and female reproductive traits. **Journal of Animal Science**, 81:395–401, 2003.

MASCIOLI, A.S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e proposição de critérios de seleção para pesos na raça Canchim. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.25, n.1, p. 74-82, 1996.

MAY, G.S. et al. Effect of frame size, muscle score, and external fatness on live and carcass value of beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.70, p.3311-3316, 1992.

MELIS, M.H.V. et al . Estimação de parâmetros genéticos em bovinos de corte utilizando os métodos de máxima verossimilhança restrita e Â. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa , v. 32, n. 6, supl. 1, p. 1624-1632, 2003.

MEYER, K. & KIRKPATRICK, M. Direct estimation of genetic principal components: simplified analysis of complex phenotypes. **Genetics**, v.168, p. 2295-306, 2004.

MEYER, K. & KIRKPATRICK, M. Restricted maximum likelihood estimation of genetic principal components and smoothed covariance matrices, **Genet. Sel. Evol.**, v.37, p. 1-30, 2005.

MEYER, K. Estimates of genetic parameters for mature weight of Australian beef cows and its relationship to early growth and skeletal measures. **Livestock Production Science**, v. 44, n. 2, p. 125-137, 1995.

MEYER, K. Multivariate analyses of carcass traits for Angus cattle fitting reduced rank and factor analytic models. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.124, n.2, p. 50-64, 2007.

MORRISON, D.F. **Multivariate statistical methods**. 2.ed New York: McGraw-Hill company, p.415, 1976.

OLIVEIRA JÚNIOR, Gerson Antônio de. **Estudo de diferentes estruturas de grupos genéticos aditivos visando ao aumento da eficiência de seleção em bovinos de corte**. Tese (Doutorado). Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2013.

PARNELL, P. Balancing growth, carcase and fertility in your breeding program. **South African Brahman Journal**, v. 21, 2001.

PASSAFARO, T.L. et al. Análise genética do peso em um rebanho de bovinos Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 51, n. 2, p. 149-158, 2016.

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

PEDROSA, V. B. et al. Utilização de modelos unicaracterística e multicaracterística na estimação de parâmetros genéticos na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 66, n. 6, p. 1802-1812, 2014.

PEDROSA, V.B. et al. Parâmetros genéticos do peso adulto e características de desenvolvimento ponderal na raça Nelore. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 11, n. 1, 2010.

PEREIRA, E.; ELER, J. P. & FERRAZ, J.B.S. Análise genética de algumas características reprodutivas e suas relações com o desempenho ponderal na raça Nelore, **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 53, n. 6, p. 720-727, 2001.

PEREIRA, E.; ELER, J. P. & FERRAZ, J.B.S. Correlação Genética Entre Perímetro Escrotal e Algumas Características Reprodutivas na Raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 6, p. 1676-1683, 2000.

PEREIRA, M.C. et al. Altura da garupa e sua associação com características reprodutivas e de crescimento na raça Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.6, p. 613-620, 2010.

PHOCAS, F. et al. Developing a breeding objective for a French purebred beef cattle selection programme. **Livestock Production Science**, v.57, p. 49-65, 1998.

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

RAO, C.R. Estimation of variance and covariance componentes- MINQUE Theory. **Journal of Multivariate Analysis**, v.1, p. 257-275, 1971.

REYS, E. **Estatística multivariada aplicada**. Lisboa: Edições Silabo, p.343, 1997.

ROCHA, E.D. et al. Tamanho de vacas Nelore adultas e seus efeitos no sistema de produção de gado de corte. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.55, p.273-283, 2003.

SANTANA, M. L.; ELER, J. P.; CUCCO, D. C.; BIGNARDI, A. B.; & FERRAZ, J. B. S. Genetic associations between hip height, body conformation scores, and pregnancy probability at 14 months in Nelore cattle. **Livestock Science**, 154(1), 13-18, 2013.

SANTANA, M.L. et al. Genetic relationship between growth and reproductive traits in Nelore cattle. **Animal**, v.1, p.1-6, 2012.

SANTANA, M.L. **Interação genótipo-ambiente em bovinos de corte compostos**. Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo, 2011.

SILVA, J. A. I.; & LÔBO, R. B. Estimativas de herdabilidade e correlações para escores visuais, peso e altura ao sobreano em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 38(12), 2362-2367, 2009.

SILVA, J.A. et al. Estimação de parâmetros genéticos para probabilidade de prenhez aos 14 meses e altura na garupa em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, p.1141-1146, 2003.

SILVEIRA, J.C. et al. Fatores ambientais e parâmetros genéticos para características produtivas e reprodutivas em um rebanho Nelore no estado do Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, p. 1432–1444, 2004.

SIQUEIRA, R.L.P.G. et al. Análise da Variabilidade Genética Aditiva de Características de Crescimento na Raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, p. 99–105, 2003.

SPEARMAN, C., General intelligence objectively determined and measured. **The American Journal of Psychology**, v.15, n.2, p. 201-292, 1904.

THURSTONE, L.L. **The vectors of mind**. Univ. Chicago Press, Chicago, 1935.
TOELLE, V.D. & ROBISON, O.W. Estimates of Genetic Correlations between Testicular Measurements and Female Reproductive Traits in Cattle, **Journal of animal science**, v. 60, p. 89-100, 1985.

TYRISEVÄ, A.M. et al. Principal component and factor analytic models in international sire evaluation. **Genetics Selection Evolution**, v. 43, n. 1, p. 1, 2011.

VAL, J. E. et al., Alternativas para seleção de touros da raça Nelore considerando características múltiplas de importância econômica. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.60, n.3, p. 705-712, 2008.

VAN MELIS, M. H. et al. Additive genetic relationships between scrotal circumference, heifer pregnancy, and stayability in Nellore cattle. **Journal of animal science**, v. 88, n. 12, p. 3809-3813, 2010.

VAYEGO, S.A. Uso de modelos mistos na avaliação genética de linhagens de matrizes de frango de corte. **Tese (Doutorado)**, Universidade Federal do Paraná. 2013.

YAMAKI, M. et al. Estudo de características de produção de matrizes de corte por meio da análise de componentes principais. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 61, n. 1, 2009.

YOKOO, M.J. et al. Correlações genéticas entre escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassom em bovinos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, p. 197-202, 2009.

YOKOO, M.J.I. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para altura do posterior, peso e circunferência escrotal em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.6, p. 1761-1768, 2007.