

UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
FACULDADE DE MEDICINA DE RIBEIRÃO PRETO

José Eduardo do Val

**ALTERNATIVAS PARA SELEÇÃO DE TOUROS DA RAÇA
NELORE CONSIDERANDO CARACTERÍSTICAS MÚLTIPLAS
DE INTERESSE ECONÔMICO**

Ribeirão Preto-SP
2006

JOSÉ EDUARDO DO VAL

**ALTERNATIVAS PARA SELEÇÃO DE TOUROS DA RAÇA
NELORE CONSIDERANDO CARACTERÍSTICAS MÚLTIPLAS
DE INTERESSE ECONÔMICO**

**Tese apresentada a Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto
da Universidade de São Paulo como requisito parcial para
obtenção do título de Doutor em Ciências.**

Área de concentração: Genética

Orientadora: Profa. Dra. Maria Armênia R. de Freitas

Co-orientador: Prof. Dr. Raysildo Barbosa Lôbo

**Ribeirão Preto-SP
2006**

FOLHA DE APROVAÇÃO

José Eduardo do Val

Alternativas para Seleção de Touros da Raça Nelore Considerando Características Múltiplas de Interesse Econômico

Tese apresentada a Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto da Universidade de São Paulo como requisito parcial para obtenção do título de Doutor em Ciências.
Área de concentração: Genética

Aprovado em:

Banca Examinadora

Prof. Dr. -----

Instituição: _____ Assinatura: _____

Prof. Dr. -----

Instituição: _____ Assinatura: _____

Prof. Dr. -----

Instituição: _____ Assinatura: _____

Prof. Dr. -----

Instituição: _____ Assinatura: _____

Prof. Dr. -----

Instituição: _____ Assinatura: _____

*Dedico esse trabalho aos meus pais,
Sylvio e Elvira. A eles agradeço
todo empenho e dedicação.*

Agradecimentos

À Professora Dra. **Maria Armênia R. de Freitas**, minha orientadora, pelos ensinamentos, motivação e principalmente pela grande amizade firmada durante todo o período que estivemos trabalhando.

Ao professor Dr. **Antonio Sergio Ferraudo**, do Depto de Ciências Exatas/UNESP, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Campus de Jaboticabal/SP, pelo valioso apoio e colaboração na realização das análises estatísticas.

Ao Professor Dr. **Raysildo Barbosa Lôbo** pela oportunidade concedida, ensinamentos e ajuda durante todas as etapas desse trabalho.

Ao Professores **Drs. Henrique Nunes de Oliveira, Carmem Silva Pereira e Vera Lucia Cardoso** pelos ensinamentos e ajuda durante o doutorado.

Ao **Luis A. F. Bezerra** pelas facilidades e valiosas contribuições no desenvolvimento desse trabalho.

CAPES, PRONEX, FAPESP, ANCP e criadores do **Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN-Nelore Brasil)** pelo material disponibilizado e apoio durante a execução dessa pesquisa.

Ao amigo **Marco Pinto Corrado**, Técnico Especializado em Laboratório e Bioinformática do Departamento de Genética da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto (FMRP-USP), pela ajuda na captação dos dados e elaboração dessa pesquisa.

Aos colegas do Bloco C **Adriane, Alejandro, Álvaro, Athos, Bruna, Carol, Chis, Daniel, Dante, Fábio, Fernanda, Fernando, Flávia, Francielle, Francisco, Gismar, Helena, Jair, Jeferson, Juliana Cuzzi, Juliana Meola, Lisandra, Luciana, Luiz, Lidyo, M. Vinícios, Marli, Mauricio, Murilo, Paulinha, Paulo, Reginaldo, Silvina e Silvio**.

Aos professores membros da **banca examinadora** pelas sugestões e contribuições.

Aos **professores, funcionários e colegas** do curso de pós-graduação em genética da FMRP, pelos ensinamentos e convivência.

À professora **Conceição Aparecida de Mattos Martins** pelo trabalho de revisão do texto.

À **Milena Cerele e Maria Cristina Manduca Ferreira**, Bibliotecárias da Biblioteca Central da Prefeitura do campo administrativo de Ribeirão Preto FMRP-USP pelo auxílio no ajustamento das normas deste trabalho.

Aos professores da **Universidade Federal de Santa Catarina-UFSC** em Florianópolis e da **Universidade de Ciências Agrárias e Veterinárias- FCAV**, Campos de Jaboticabal, por minha formação acadêmica.

Aos amigos **João Claudio** e **Beatriz** pelos momentos de reflexão e valiosa ajuda durante o doutorado.

Ao colega **Antonio Lúcio M. Martins**, chefe da Estação Experimental de Zootecnia de Pindorama pela amizade e todos os ensinamentos durante minha formação.

À **Juliana Saraiva** pelo amor, apoio, carinho, e motivação.

Obrigado !

Resumo

Este estudo foi desenvolvido a partir de informações das avaliações genéticas de touros pertencentes a rebanhos participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN-Nelore Brasil), que desenvolve, desde 1995, um teste de progênie denominado Reprodução Programada (RP), o qual tem como finalidade principal de disponibilizar animais com valores genéticos mais confiáveis no mercado de reprodutores. Assim, as Diferenças Esperadas nas Progênies (DEPs) de 234 touros participantes da RP no período de 1996 a 2003 foram analisadas com os seguintes objetivos: 1- Avaliar o mérito genético dos touros ao longo dos anos, utilizando regressão linear entre a DEP e ano de participação do touro na RP para as características, peso aos 120 e 210 dias, efeitos direto e materno (DDPP120, DDPP210, DMPP120 e DMPP210); peso e perímetro escrotal aos 365 e 450 dias, efeito direto (DDP365, DDP450, DDPE365 e DDPE450) e idade ao primeiro parto (DDIPP); 2- Identificar, por meio de abordagens multivariadas, grupos de animais cujas DEPs apresentem padrões de semelhança, assim como discriminar as variáveis que mais influenciam na divisão dos grupos, numa tentativa de auxiliar a tomada de decisão nos sistemas de produção de bovinos de corte, com vistas a maximizar a produtividade. Os procedimentos multivariados de análises de agrupamento e componentes principais foram aplicados às DEPs de sete características (DMPP120, DMPP210, DDPP365, DDPP450, DDPE365, DDPE450 e DDIPP). As análises foram processadas com o auxílio do software *Statistica* (STATSOFT, 2004). As tendências genéticas das DEPs relacionadas com as características de fertilidade, DDPE365, DDPE450 e DDIPP, mostraram progressos genéticos de 0,051 e 0,061 cm e -0,026 mês por ano respectivamente, enquanto que DDPP450 foi à característica que obteve maior ganho genético dentre as DEPs de crescimento, 1,467 kg/ano. Com referência às abordagens multivariadas, a análise de agrupamento k-médias foi aplicada e o resultado envolvendo três grupos foi o melhor obtido, dos quais dois se destacaram quanto aos valores médios das DEPs. A importância desses dois grupos de touros foi confirmada pela análise de componentes principais que associou a eles valores superiores de DEPs diretas de peso e perímetro escrotal. A quantidade de variabilidade original retida pelos dois primeiros componentes principais foi de 70,22%. Foram observados progressos genéticos nos touros da Reprodução Programada para todas as características durante o período estudado, indicando que a estratégia de seleção praticada vem sendo efetiva e evidenciando a importância

da contribuição dos touros da RP para o melhoramento das características reprodutivas e de crescimento da raça Nelore. Neste estudo pode-se verificar o poder classificatório e discriminatório das análises de agrupamentos e componentes principais, o que muito pode contribuir na classificação de touros, facilitando a seleção de animais em Programas de Melhoramento Genético.

Palavras chave: 1- tendência genética, 2- características de fertilidade 3- características de crescimento, 4- análise de agrupamento, 5- componente principais, 6- k-médias.

Abstract

This research was developed with genetic information of sires that belong to herds of the “Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore” (PMGRN-Nelore Brasil), which has been carried on, since 1995, a progeny test denominated “Reprodução Programada” (RP), whose the main aim is to obtain reliable genetic values for sires market. Therefore, the Expected Progeny Difference (EPD) of 243 sires taking part of the RP from 1996 to 2003 were used with the following objectives of: 1- Evaluating the genetic merit over the years applying linear regression between the EPD and the year of the sires RP participation, for the following traits: weight at 120 and 210 days of age, direct and maternal effects (DDPP120, DDPP210, DMPP120 and DMPP210) weight and scrotal circumference at 365 and 450 days of age, direct effect (DDPP365, DDPP450, DDPE365 and DDPE450) and age at first calving (DDIPP); 2- Identifying groups of animals, whose, EPDs show similarity patterns, as well as, verifying which were the variable that showed greater power in discriminating group formations, trying to help the decisions making support in the beef cattle production system by multivariate approaches, in order to maximizing the productivity. The multivariate procedures of clusters analysis and principal components were applied in the EPDs from seven traits (DMPP120, DMPP210, DDPP365, DDPP450, DDPE365, DDPE450 and DDIPP). The analyses were performed by software *Statistica* (STATSOFT, 2004). The genetic trends of the EPD related to the fertility traits, DDPE365, DDPE450 e DDIPP, showed some genetic progress of 0.051 and 0.061 cm and – 0.026 month per year respectively, while, the DDPP450 was the trait that obtained the highest genetic gain in the growth EPDs, 1.467 kg/year. About the multivariate approaches, the k-means clustering analysis was applied and the results of three groups formation were the best option, two of them stood out in relation to values of the EPDs means. The importance of these two groups was confirmed by the analyses of principal components that associate the direct EPDs of weight and scrotal circumference values to them. The quantity of original variability kept in the first main components was 70.22%. It was observed genetic progress in the RP sires for every trait during the studied period, indicating that the selection has been effective and evidencing how important the contribution of the RP sires for the reproductive and growth traits for the Nelore breed improvement is. In this research, the classificatory and discriminatory

power of cluster analyses and principal components could be verify, and certainly could contribute in the sire classification, helping the selection in the Animal Breeding Program.

Key words: 1-genetic trend, 2- growth traits 3- fertility traits, 4- cluster analysis, 5- principal components, 6- k-means.

SUMÁRIO

1. Introdução.....	16
2. Objetivo.....	20
3. Revisão de Literatura.....	21
3.1. Histórico da Reprodução Programada.....	21
3.2. Tendência genética das características de crescimento e fertilidade.....	27
3.3. Análise multivariada	29
3.3.1. Análise de agrupamento k-médias.....	30
3.3.2. Análise de Componentes Principais.....	32
4. Material e Métodos.....	34
4.1. Material.....	34
4.1.1. Avaliação Genética.....	35
4.1.2. Reprodução Programada.....	39
4.2. Métodos.....	42
4.2.1. Tendência Genética das características.....	42
4.2.2. Análise multivariada.....	42
4.2.2.1. Análise de Agrupamento (k-médias).....	42
4.2.2.2. Análise de Componentes Principais.....	43
5. Resultados e Discussão.....	45
5.1. Análise descritiva dos dados.....	45
5.2. Tendências genéticas.....	47
5.3. Análise Multivariada.....	51
5.3.1. Análise de Agrupamento (k-médias).....	51
5.3.2. Análise de Componentes Principais.....	53
6. Considerações Finais.....	58
7. Conclusões.....	60
Referências	61
APÊNDICE - Artigo submetido à Revista Brasileira de Zootecnia.....	68

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Evolução da Reprodução Programada em termos de número de reprodutores testados e fazendas participantes com matrizes por ano de execução (FREITAS, 2004)..... **24**
- Figura 2.** Fazendas de origem dos touros da Reprodução Programada (RP), e número de animais entre os 30% superiores (TOP30%) para Diferença Esperada na Progênie para as características de perímetro escrotal (DPE, cm) e idade ao primeiro parto (DIP, meses)..... **41**
- Figura 3.** Histograma de distribuição de freqüências das DEPs das características de peso (kg) aos 120 e 210 dias de idade efeitos materno e direto (DMPP120, DMPP210, DDPP120 e DDPP210), peso (kg) e perímetro escrotal (cm) aos 365 e 450 dias de idade (DDPP365, DDPP450, DDPE365 e DDPE450) e idade ao primeiro parto (meses) (DDIPP), dos touros da Reprodução Programada..... **45**
- Figura 4.** Evolução do mérito genético das DEPs de peso (kg) aos 120 e 210 dias de idade, efeito materno (DMPP120 e DMPP210), peso (kg) aos 120, 210, 365 e 450 dias de idade, efeito direto (DDPP120, DDPP210, DDPP365, DDPP455 e DDPP550)..... **48**
- Figura 5.** Evolução do mérito genético das Diferenças esperadas da progênie (DEPs) de perímetro escrotal aos 365 e 450 dias de idade (DDPE365 e DDPP450, cm) e idade ao primeiro parto (DDIPP, meses) em função do ano de participação na Reprodução Programa..... **50**

Figura 6. Médias das Diferenças Esperadas na Progenie (DEPs) para cada grupo formado pelo método k-médias ($k=3$): DEP materna de peso aos 120 e 210 dias de idade, kg (DMPP120 e DMPP210), DEP direta peso (kg) e perímetro escrotal (cm) aos 365 e 450 dias de idade (DDPP365, DDPP450, DDPE365 e DDPE450 respectivamente) e idade ao primeiro parto, dias (DDIPP)..... **52**

Figura 7. Distribuição dos touros da Reprodução Programada e dos touros RG, LD, GM, GO, ZF e Controle de acordo com os componentes principais 1 e 2 (CP1 e CP2), indicando os grupos em que cada animal está inserido: grupo 1 (1), grupo 2 (2) e grupo 3 (3). CP1: 44,76% = variância retida no CP1 e CP2: 25,46% = variância retida no CP2..... **55**

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Estrutura dos dados utilizados na avaliação genética em abril de 2003.....	37
Tabela 2. Estimativas de (co)variâncias e parâmetros genéticos para as características analisadas.....	38
Tabela 3. Número de filhos por touro e número médio de rebanhos participantes da Reprodução Programada no período de 1996-2003.....	40
Tabela 4. Média, Desvios Padrão, Mínimo, Máximo e Acurácia Média da Diferença Esperada das Progênie (DEP) para as características avaliadas nos touros da Reprodução Programada.....	47
Tabela 5. Valores médios da Diferença Esperada na Progênie de cada característica nos três grupos formados pelo método k-médias.....	51
Tabela 6. Análise de variância entre os três grupos criados pelo método k-médias.....	53
Tabela 7. Correlações entre as DEPs das características avaliadas e os componentes principais 1 e 2.....	54

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ACP - Análise de Componentes Principais

ANCP - Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores

BLUP - Best Linear Unbiased Prediction

CP - Componentes Principais

DEP - Diferença Esperada na Progênie

DDIPP - Diferença Esperada na Progênie para Idade ao Primeiro Parto

DDPE365 - Diferença Esperada na Progênie para Perímetro Escrotal aos 365 dias de idade

DDPE450 - Diferença Esperada na Progênie para Perímetro Escrotal aos 450 dias de idade

DDPP120 - Diferença Esperada na Progênie para Peso aos 120 dias de idade efeito direto

DDPP210 - Diferença Esperada na Progênie para Peso aos 210 dias de idade efeito direto

DDPP365 - Diferença Esperada na Progênie para Peso aos 365 dias de idade efeito direto

DDPP450 - Diferença Esperada na Progênie para Peso aos 450 dias de idade efeito direto

DMPP120 - Diferença Esperada na Progênie para Peso aos 120 dias de idade efeito materno

DMPP210 - Diferença Esperada na Progênie para Peso aos 120 dias de idade efeito materno

IA - Inseminação Artificial

MGT - Mérito Genético Total

PMGRN - Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore

PMGRN-Nelore Brasil - Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore

Programa Nelore Brasil - Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore

SERSIA - *Société de Étude et Recherche Sur Insémination Artificielle* (Sociedade de Educação e pesquisa sobre Inseminação Artificial).

RP - Reprodução programada

TOP30% - Animais entre os 30% superiores da Reprodução Programada.

1. Introdução

O panorama atual da pecuária bovina brasileira aponta para uma população estimada em 180 milhões de cabeças, sendo aproximadamente 80% de raças zebuínas e seus cruzamentos, dos quais a raça Nelore é predominante. Todavia, a grande maioria dos rebanhos apresenta baixos índices técnicos e de produtividade, em contraste com uma pequena minoria que se destaca pelos seus excelentes índices de produção e rentabilidade (FNP CONSULTORIA, 2005).

Apenas um reduzido percentual dos rebanhos é usuário da técnica de inseminação artificial (IA), e apesar do crescimento dessa técnica nos últimos anos, cerca de 7,5 milhões de doses de sêmen foram comercializadas em 2004, um número ainda muito aquém do desejável conforme Associação Brasileira de Inseminação Artificial (ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE INSEMINAÇÃO ARTIFICIAL, 2004). Verifica-se que a maior parte dos rebanhos utiliza seus próprios touros em monta natural e sem avaliação genética, existindo uma enorme carência de animais testados para atender a demanda de reprodutores.

Embora a privilegiada localização geográfica do Brasil e a extensão do território nacional permitam que sistemas pouco intensivos sejam ainda lucrativos, entende-se que progressos nas áreas de melhoramento genético e manejo dos rebanhos sejam necessários para a otimização do processo produtivo nacional de bovinos de corte. O desenvolvimento de uma pecuária bovina mais tecnificada e eficiente propiciaria também melhores condições para a preservação do meio ambiente, e conseqüentemente, maior retorno social e econômico.

Os programas de melhoramento genético de bovinos das diversas raças, juntamente com as ações de outras áreas envolvidas nos sistemas de produção assumem papel relevante. A seleção de animais geneticamente superiores para serem utilizados como genitores das futuras gerações é imprescindível para ocasionar mudanças positivas na composição genética das populações.

Entretanto, o sucesso da seleção vai depender basicamente de uma criteriosa avaliação genética, pois ela contribui de maneira decisiva para o progresso genético dos rebanhos. O modelo animal e o uso da metodologia BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*), desenvolvida por Henderson (1949), estão amplamente difundidos e constituem-se na maneira mais acurada de avaliação genética. Uma das finalidades dos Programas de Melhoramento Genético é estimar o mérito genético ou o valor genético dos animais, o que, nas avaliações genéticas, é representado pela Diferença Esperada na Progenie (DEP). As avaliações genéticas minimizam os possíveis erros que possam ser cometidos no processo de escolha dos reprodutores devido às diferenças causadas pelo ambiente (OLIVEIRA, 2003).

A DEP vem sendo usada em todo o mundo para comparar o mérito genético dos animais para várias características, portanto o cálculo da DEP não é o objetivo final de um programa de melhoramento, mas uma ferramenta para que se possa escolher animais para reprodução, ou seja, elas devem ser utilizadas como parte dos critérios de seleção (OLIVEIRA, 2003). Ela prediz a habilidade de transmissão genética de um animal avaliado como progenitor, sendo expressa na unidade da característica (exemplo: kg para peso, cm para perímetro escrotal e meses para idade ao primeiro parto). As DEPs também podem ser estimadas para efeito direto ou materno: A DEP de efeito direto de um animal prediz o efeito esperado de seus genes sobre o desempenho médio de sua progênie em determinada característica; e a DEP para efeito maternal prediz o efeito esperado de seus genes sobre o desempenho médio das progênies de suas filhas em determinada característica, devido às diferenças na habilidade maternal apresentadas por elas (LÔBO, et. al 2003; PEREIRA, 2004).

Cada DEP de determinada característica está associada a uma acurácia, que expressa a correlação entre o valor estimado e o valor verdadeiro da mesma. Em termos práticos, a acurácia

indica o percentual de confiabilidade ou risco envolvido ao se utilizar um touro com determinado valor de DEP, assumindo valores de 0 a 1. Sumariamente, a acurácia é influenciada pelo número de parentes avaliados de um determinado animal, ou seja, quanto maior for o número de ascendentes e descendentes incluídos na avaliação genética, maior será o valor da acurácia. A conexão entre rebanhos, estabelecida pelo parentesco entre os animais em diferentes rebanhos, também influencia a acurácia; quanto maior a conexão ou quanto maior o número de progênes ou parentes entre os rebanhos, maior será a acurácia (CARNEIRO et al., 2001).

Em programas de melhoramento genético, os conhecidos testes de progênes são muito eficientes no aumento da acurácia. Se bem delineados, podem gerar grande número de progênes em diferentes rebanhos, num espaço de tempo relativamente curto. Assim, a inclusão desses descendentes nas futuras avaliações genéticas aumentaria a acurácia.

Outro conceito importante em relação à acurácia é que esta apresenta valores mais altos quando os reprodutores são mais velhos, acarretando menor risco ao utilizá-los. O uso de animais jovens com acurácias mais baixas aumenta o risco: no entanto, o uso de vários desses animais e com características semelhantes pode reduzir esse risco.

Segundo Tonhati, Marcondes e Lôbo (2003), o resultado final da exploração dos bovinos de corte depende de várias características; assim, deve-se trabalhar a seleção em várias direções, a fim de se melhorar o desempenho geral dos rebanhos. O aprimoramento das técnicas de avaliação genética tem gerado um número cada vez maior de informações, contudo, as DEPs das diferentes características geradas nessas avaliações têm dificultado os processos de tomada de decisão na seleção. Buscando ferramentas para obter maior sucesso com a seleção, diversos autores, como Ponzoni e Newman (1989), Bittencourt (2001), Lôbo et al. (2003), Paneto (2004)

entre outros, trabalharam com a elaboração de índices de seleção que agregam várias características, os quais identificam animais que vão maximizar a mudança genética em um objetivo único.

A tecnologia computacional hoje disponível permitiu avanços extraordinários na análise de dados, e o uso das técnicas analíticas multivariadas por pesquisadores do mundo todo, nas diferentes áreas da indústria e em centros de pesquisa acadêmica, está sendo cada vez maior (HAIR et al. 2005).

Visando contribuir para a escolha de reprodutores onde características múltiplas são consideradas, este estudo pretende obter informações que possam auxiliar os programas de melhoramento genético de bovinos de corte, indicando alternativas para a seleção dos animais por meio da análise do mérito genético ao longo dos anos e da utilização técnicas multivariadas. Para tanto, foi utilizado um conjunto de touros pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN-Nelere Brasil), selecionados para participar de um teste de progênie denominado Reprodução Programada (RP).

2. Objetivos

- Analisar o comportamento do mérito genético dos touros da RP no período de 1996 a 2003 para verificar se a pré-seleção vem sendo eficiente para identificar touros superiores.
- Identificar, por meio de abordagens multivariadas, grupos de animais cujas DEPs apresentem padrões de semelhança, assim como discriminar as variáveis que mais influenciaram na divisão dos grupos, numa tentativa de auxiliar a tomada de decisão na seleção de bovinos de corte em programas de melhoramento genético, com vistas a maximizar a eficiência de produção.

3. Revisão de literatura

3.1. Histórico da Reprodução Programada

Em geral, os programas de melhoramento genético objetivam identificar e difundir animais geneticamente superiores para serem progenitores das gerações futuras, de modo a aumentar a média das características de importância econômica nas populações. O Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN-Nelore Brasil), iniciado em 1988 e conduzido pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), tem contribuído substancialmente para este propósito, gerando valiosas informações que têm auxiliado os produtores associados no direcionamento de seus negócios e em suas tomadas de decisões nas propriedades. Com a identificação do mérito genético dos animais, o criador tem condições de escolher e utilizar aqueles que melhor se adaptem aos seus interesses e objetivos de seleção.

Entre as tecnologias geradas pelo PMGRN-Nelore Brasil, destaca-se o projeto da Reprodução Programada (RP) de touros jovens, que é um teste de progênie desenvolvido desde 1995 em parceria com as fazendas participantes e, nos últimos anos, com as Centrais de Inseminação Artificial. Conceitualmente, o Teste de Progênie (TP) usual consiste na comparação de reprodutores pela avaliação do valor genético, com base no desempenho médio de suas progênies. A RP diferencia-se do TP convencional por usar informações de toda a ascendência disponível para o cálculo do valor genético dos animais e utilizar, de forma planejada, touros jovens previamente avaliados geneticamente pelo PMGRN que apresentem altos valores de DEPs para diversas características.

Uma das principais finalidades da RP é auxiliar no fornecimento de reprodutores testados para uso nos rebanhos da raça Nelore, disponibilizando no mercado, ou nas centrais de Inseminação Artificial, animais de alto potencial genético o mais precocemente possível,

permitindo maior abrangência em todas as regiões do país e contribuindo para o atendimento da demanda por reprodutores avaliados geneticamente.

A RP também objetiva gerar o maior número de filhos possível por touro candidato a reprodutor, em diferentes rebanhos e regiões do país em reduzido espaço de tempo, proporcionando assim, melhor acurácia das avaliações e melhor conexão entre os rebanhos. Além da identificação de touros jovens gerados nos rebanhos, a multiplicação rápida desse material genético cria uma estrutura familiar adequada à aplicação da metodologia utilizada na avaliação genética (LÔBO et al., 2000, 2001, 2002, 2003, 2004). Garnero et al. (2002) demonstraram que a inclusão dos filhos na avaliação genética de touros da raça Nelore mudou em até duas posições a classificação dos reprodutores; porém, quando foi testada a inclusão dos netos, não houve alteração na classificação.

Etapas para execução da Reprodução Programada:

Escolha dos Candidatos - Os touros jovens são pré-selecionados pelo Mérito Genético Total (MGT), que é um índice estabelecido pelo PMGRN-Nelore Brasil que pondera características maternas e diretas de peso, perímetro escrotal e idade ao primeiro parto. Tal índice é obtido na avaliação genética realizada no início de cada ano pelo Centro Técnico de Avaliação Genética (CTAG), empresa associada à ANCP. As estimativas dos componentes de variâncias são obtidas no setor de Genética e Melhoramento Animal e Computação (GEMAC/FMRP/USP). Para as predições das DEPs das características são utilizadas todas as informações disponíveis, incluindo o desempenho do próprio animal, de sua progênie e de seus ancestrais. Devido à solidez da base de dados, a escolha dos candidatos à RP permite alta pressão de seleção dos animais jovens do Programa Nelore Brasil. Por exemplo: os candidatos à RP de 2003 foram provenientes de 24.710 animais nascidos no ano de 2001, procedentes de 106 fazendas, sendo que destes, foram pré-selecionados 1164 touros, filhos de 178 reprodutores, os quais

apresentaram DEPs positivas para todas as características do PMGRN-Nelore Brasil, e Mérito Genético Total (MGT) igual ou superior a 1,13.

Avaliação Visual- Após a concordância dos proprietários em participar da RP, a etapa seguinte é a avaliação fenotípica dos animais candidatos nas propriedades, que é realizada pela equipe técnica do Programa Nelore Brasil e colaboradores. Tendo como base a RP de 2003, citada no item anterior, 23 touros foram habilitados para participar do teste, evidenciando a alta pressão de seleção do Programa Nelore Brasil (ANCP).

Grupos de Touros Testados – Assim, a cada ano são formados vários grupos de touros para participarem da RP. Esses grupos incluem: A) os machos jovens da safra média de dois anos; B) os 20% melhores de cada ano, que são repetidos no ano seguinte do teste; C) os touros indicados pelas Centrais de IA parceiras; e D) os touros do sistema PROGENEL da SERSIA Brasil, que foram recentemente incluídos no teste da RP. Os animais selecionados são encaminhados às Centrais para colheita do sêmen pelo seu proprietário.

Distribuição do Sêmen - Na seqüência, 300 doses de sêmen de cada animal são coletadas e disponibilizadas gratuitamente para as fazendas interessadas em participar com matrizes, visando obter, no mínimo, 30 progênies por touro em teste. Para estimar o número de doses por matriz, considera-se uma média de número de serviços por concepção de 1,5. A partir de 2004, a escolha dos touros e a distribuição do sêmen vêm sendo realizadas por meio do *site* da ANCP (<<http://www.ancp.org.br>>). Todo o processo, desde a distribuição, inseminação, nascimento dos produtos e avaliação genética das progênies geradas até os 18 meses de idade, é monitorada por pesquisadores e técnicos do PMGRN. Como exemplo, em 2003, foram distribuídas 26.150 doses, divididas entre 64 rebanhos em 12 estados brasileiros, e aproximadamente 9 mil matrizes foram disponibilizadas para os acasalamentos, confirmando

assim, o potencial para se gerar um grande número de descendentes em vários rebanhos e a agilidade no teste dos touros selecionados.

Avaliação genética da progênie dos touros testados. Periodicamente são realizadas avaliações genéticas desses animais, nos quais se comprova ou não o mérito genético dos touros testados. A Figura 1 mostra a evolução do projeto da Reprodução Programada no decorrer dos anos de execução, em termos do número de reprodutores testados e fazendas participantes com matrizes.

Alguns resultados da Reprodução Programada e o impacto do uso desses reprodutores nos rebanhos já podem ser constatados. Desde sua implantação o projeto tem alcançado boa aceitação por parte dos criadores: até 2004 foram testados cerca de 300 reprodutores e 550 mil doses de sêmen já foram comercializadas em uma parceria estabelecida com 12 Centrais de Inseminação Artificial (NASSIR et al., 2002; LÔBO et al., 2003, 2004; ANCP, 2004; Freitas, 2004).

Segundo Bezerra (2003) o PMGRN proporcionou ganho real aos seus participantes numa pesquisa realizada entre 1998 a 2003. Para o autor, este mérito foi conseguido principalmente devido ao uso de touros da RP nos rebanhos associados ao programa. Supondo o uso destes touros em todos os rebanhos do PMGRN, e que houvesse o mesmo desempenho atingido nas progênies até o presente momento, os ganhos seriam significativos.

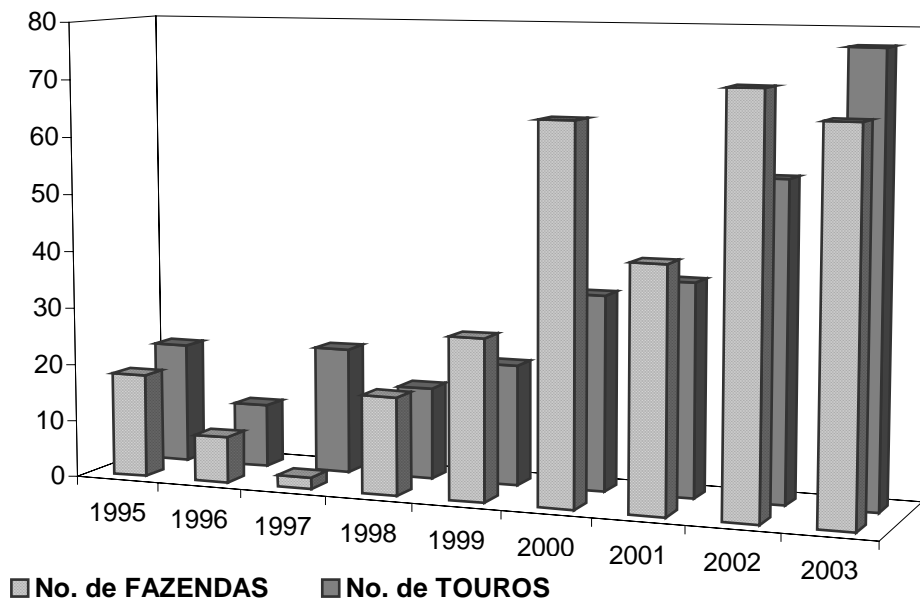


Figura 1. Evolução da Reprodução Programada em termos de número de reprodutores testados e fazendas participantes com matrizes por ano de execução (FREITAS, 2004).

Freitas et al. (2003), analisando touros da RP, testados no período de 1995 a 2002, avaliados em 220 fazenda, verificaram que esse material genético estava bem difundido nas várias regiões do país e que havia ocorrido um aumento do número de touros jovens com avaliação genética nas Centrais de Inseminação Artificial (IA). Os autores observaram ainda, que os touros da RP que tiveram 300 progênies ou mais no período, tanto nas fazendas do PMGRN, como em outros rebanhos da raça Nelore, suas progênies apresentaram médias das DEPs, das diversas características, superiores a de seus pais, proporcionando uma valorização do sêmen desses animais nas Centrais de IA .

A grande pressão de seleção aplicada aos touros da RP pode gerar a redução da variabilidade genética e, conseqüentemente, problemas, devido à endogamia nos rebanhos, portanto estudos com a finalidade de minimizar esses problemas estão sendo motivados. Vozzi (2004) estudaram o parentesco genético aditivo médio entre os genearcas nacionais descendentes

dos touros fundadores da raça nelore, e observaram que um touro denominado LD obteve a maior contribuição genética entre os 1164 touros pré-selecionados para a RP de 2003, apresentando parentesco com 95% dos animais da amostra.

Além das aplicações no melhoramento genético, especificamente na área da genética quantitativa, a RP também tem contribuído para pesquisas na área reprodutiva de produção de embriões “*in vitro*”, transferência de embriões, criopreservação e estudos na área de genética molecular.

Acorsi (2000), Benedette et al. (2003), Elias et al. (2003) e Elias et. al. (2005), e utilizaram sêmen de touros da RP em trabalhos relacionados à produção de embriões por meio de técnicas de fecundação “*in vitro*”. Estes autores também avaliaram a fertilidade de sêmen e sugerem que existe diferença entre touros quanto à capacidade de produção de embriões em fecundação “*in vitro*”.

Fernandes (2003) testou a sobrevivência de embriões criopreservados pós-descongelamento, e também observou diferenças entre touros na sobrevivência desses embriões fecundados em laboratório. Comenta ainda que é possível praticar seleção para esta característica.

Gavio (2005) executou um estudo com sêmen criopreservado de 100 touros jovens, procedentes de seis centrais de Inseminação Artificial e selecionados para RP. Este material foi avaliado quanto à mobilidade, origem do DNA mitocondrial e capacidade de desenvolvimento embrionário *in vitro*, sendo observadas importantes fontes de variações.

O interesse pelos animais participantes da Reprodução Programada, assim como as diversas publicações em diferentes áreas da genética e o panorama atual descrito, mostram a importância desse projeto na área científica, acadêmica e na extensão rural.

Características gerais da RP estão resumidamente descritas por Lôbo, Bezerra e Oliveira (1999) e Lôbo et al. (2000) da seguinte forma:

- Proporciona maior ganho genético pela diminuição do intervalo de geração. A seleção de animais jovens e conseqüentes distribuições de sêmen possibilitam um grande número de filhos em apenas um ano, aumentando a confiabilidade das DEPs em um reduzido espaço de tempo;
- Propicia maior oferta de touros testados e avaliados;
- Valorização dos rebanhos;
- Incremento no progresso genético do PMGRN e da raça nelore como um todo;
- Maior garantia ao produtor na aquisição dos materiais genéticos pelo aumento da acurácia;
- Aumento na amarração entre os rebanhos e grupos de contemporâneos, pela conseqüente adequação da estrutura dos dados para avaliação genética pela metodologia BLUP;
- Importante fonte de disseminação de material genético superior, dentro e fora do PMGRN;
- Importante fonte de touros para atender a demanda crescente no mercado de reprodutores zebuínos avaliados;

3.2. Tendências genéticas das características de crescimento e fertilidade

As avaliações realizadas nos programas de melhoramento genético, possibilitam a seleção dos animais pelos seus respectivos valores genéticos, sendo assim, o que se almeja é o aumento da média da população e/ou da média dos valores genéticos para um certo caráter desejado ao longo dos anos. A tendência genética é um recurso estatístico, utilizado pelo melhorista, para

quantificar os efeitos da seleção no melhoramento da característica por unidade de tempo. Ao mesmo tempo, indica os acertos e desacertos dos métodos adotados e fornece subsídios para a continuidade ou não das estratégias de seleção (PEREIRA, 2004). A técnica normalmente utilizada é a da regressão linear entre o valor genético e o ano de nascimento dos animais.

Os ganhos máximos atingidos por uma estratégia de seleção podem variar de 1% a 3% anualmente (SMITH, 1984). Zollinger e Nielsen (1984), estimaram as tendências genéticas para peso ao desmame de rebanhos Angus na América do Norte e chegaram a diferentes resultados, que, segundo os autores, estavam abaixo de um ótimo de taxa de incremento genético de 2,5 % ao ano.

Silva et al. (1997), ao analisarem 423.174 animais da raça Nelore nascidos entre 1961 e 1994, estimaram tendências genéticas anuais de 0,11% e 0,09%, para ganhos de peso pré e pós-desmama. Sullivan et. al. (1999) estudaram as tendências genéticas anuais em 5 raças européias de gado de corte para a característica ganho de peso até um ano de idade, e obtiveram valores que variaram de 1,46 a 2,46 kg/ano, sendo que os valores correspondentes para peso ao nascimento variaram de 1,30 a 2,26 kg. Os mesmos autores também observaram que as tendências genéticas para raças leves foram maiores quando comparadas com as raças mais pesadas. Em outro trabalho com a raça Gir, Euclides Filho et al. (2000) verificaram ganhos de 0,19, 0,06 e 0,02 g/dia para as características ganho de peso pré-desmama efeitos direto e materno e ganho de peso pós-desmama efeito direto, respectivamente.

Cyrillo et al. (2001) observaram ganhos genéticos de 2,71 e 3,08 kg/ano para dois diferentes rebanhos da raça Nelore mantidos na Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho (IZ-SP). A característica avaliada foi peso aos 378 dias de idade. No mesmo trabalho, mas em outro rebanho, o progresso genético não foi significativo, provavelmente pela pequena seleção direcional para esta característica. Para a característica perímetro escrotal foram observados

valores de tendência genética de 0,31 e -0,21 cm/ano em dois rebanhos, evidenciando que para um dos rebanhos houve um retrocesso nesta característica, o que, segundo os autores, se deve à metodologia de reposição dos touros.

Em estudos com a raça Tabapuã, realizados com o objetivo de avaliar as mudanças genéticas das características diretas e maternas de peso aos 205, 365 e 550 dias, Ferraz Filho et al. (2002) obtiveram tendências de 0,134, 0,207, e 0,276 kg/ano para os valores genéticos diretos e 0,019, -0,011, e -0,022 kg/ano para os valores genéticos maternos, respectivamente. Esta mesma tendência oposta entre os valores genéticos diretos e maternos, também foi observada por Garcia et al. (2003) para a característica peso ajustado aos 205 dias

Valores de tendências genéticas anuais iguais a 0,046, 1,336, e 1,619 kg para peso ao nascimento, à desmama e aos 365 dias de idade respectivamente, representando cerca de 0,13%, 0,66%, e 0,75% das médias do rebanho, foram obtidos por Mello et al. (2002) em estudos com a raça Canchim. Os autores acrescentam ainda que as tendências genéticas maternas foram positivas, exceto para peso ao nascimento, e o progresso genético foi reduzido.

Dominguez-Viveiros et al. (2003) estimaram progresso genético de 4,2, 76,6, 208,6 e 258,2, g/ano para as características diretas de peso ao nascimento, à desmama, a um ano e aos 18 meses de idade. O estudo foi realizado com uma raça sintética Mexicana, Tropicarne, e segundo o autor, o progresso genético foi baixo.

Garcia et al. (2003) calcularam a tendência genética por meio de regressão linear entre os valores genéticos e ano de nascimento de 2891 animais da raça Nelore Mocho. As características avaliadas foram os pesos e a desmama, ajustados aos 205 dias para efeito direto e materno, e obtiveram valores de tendências genéticas de 0,78 e -0,35 kg por ano.

Costa et al. (2004), estudando a tendência genética de bovinos da raça Nelore, observaram ganho genético anual de 0,101 cm e 0,009 mês para perímetro escrotal e idade ao primeiro parto

(IPP) respectivamente, evidenciando que não houve progresso genético para a característica IPP. Nomelini et al. (2005), trabalhando com bovinos do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore verificou redução de 0,01 mês do mérito genético anual para característica idade ao primeiro parto.

No Brasil, Holanda et al. (2004) avaliaram os ganhos genéticos médios anuais para as características peso ao nascimento e aos 205 dias de idade e ganhos de peso pré e pós-desmama em bovinos Nelore, e encontraram valores de 2,60, -15,80, 350 e 200 g/ano, respectivamente, concluindo que esses valores sugerem que pouca ênfase foi dada à seleção desses animais.

3.3. Análise multivariada

A análise multivariada pode ser definida como qualquer método estatístico que analisa simultaneamente múltiplas medidas sobre a unidade experimental. As variáveis devem ser aleatórias e inter-relacionadas, de maneira que seus efeitos não possam ser significativamente interpretados de forma separada (HAIR et al., 2005).

3.3.1. Análise de agrupamento (k-médias)

O termo “análise de cluster” ou agrupamento, primeiramente usado por (TRYON, 1939), na realidade comporta uma variedade de algoritmos de classificações diferentes, todos voltados para uma questão importante em diversas áreas da pesquisa científica. A idéia é a de um processo de direcionamento dos dados, de forma a agrupá-los segundo características comuns entre si. A análise de agrupamento pode ser dividida em métodos hierárquicos e não- hierárquicos: ambos são não- supervisionados e extraem propriedades estatísticas de um conjunto de dados, agrupando os vetores similares em classes.

Apesar de atualmente estar muito difundido nas inúmeras áreas do conhecimento humano, os procedimentos deste tipo de análise surgiram devido à preocupação de profissionais das áreas

de Humanas e Biológicas em avaliar numericamente as semelhanças ou dessemelhanças entre organismos, a fim de elaborar esquemas de classificação (MEZZICH; SOLOMON, 1980).

Um dos métodos não hierárquico bastante utilizado é o k-médias, que classifica objetos em um número pré-definido de grupos, ou seja, designam objetos a agrupamentos assim que o número de agregados tenha sido especificado. A medida de similaridade usada entre os vetores de médias dos grupos pode levar a diferentes formações quanto à composição e número de objetos dentro de cada grupo. Assim, a escolha dessa medida deve observar critérios, sendo a distância euclidiana um dos mais utilizados, por ser uma métrica completa (HAIR et al. 2005).

Em estudo demográfico feito nas regiões de Castile e Leon, na Espanha, Sabater et al. (2004) aplicaram o método k-médias para classificar estas regiões em seis grupos, de tal forma que os territórios dentro do grupo apresentassem comportamento demográfico relativamente homogêneo. O método utilizou 64 variáveis da população humana e essa nova divisão de grupos se mostrou mais apropriada para futuros estudos demográficos da população, em comparação com a simples e convencional demarcação territorial.

Essa classificação territorial, evidentemente, não tem finalidade de aplicação zootécnica, porém, trabalhos com os mesmos princípios poderiam ser incentivados e aplicados para fins de planejamentos agropecuários, já que, conhecendo-se melhor as características de cada grupo obtido na classificação por meio de análise multivariada, poder-se-ia direcionar melhor os investimentos ou controlar melhor certos aspectos de interesse na produção de bovinos de corte.

Na área da genética molecular, os experimentos realizados envolvem um grande número de genes. A análise de agrupamento vem se constituindo numa poderosa ferramenta de técnica exploratória quando se deseja identificar genes que exibem padrões de expressão (JAIN; MURTY; FLYNN, 1999). Gesú et al. (2005) apresentaram um novo algoritmo genético, que inclui métodos de partição, para agrupamento de dados em pesquisas de expressão gênica.

Ushizawa et al. (2004) usaram dois métodos de agrupamento, o k-médias e o hierárquico, para identificar padrões de expressão de diferentes genes expressos no período de pré-implantação de embriões da espécie bovina.

Trabalhando com avaliação genética e acasalamentos em gado de corte, Cardoso et al. (2003) utilizaram o método de k-médias para separar grupos homogêneos de reprodutores bovinos da raça Nelore com base nos valores genéticos gerados nas avaliações genéticas, e informaram que lotes de reprodutores múltiplos, formados a partir do k-médias tiveram, numa simulação de acasalamento, praticamente o mesmo desempenho de progênie quando comparados a acasalamentos dirigidos. Os autores comentam ainda que, com essa técnica, as avaliações genéticas que incluem reprodutores múltiplos resultam em estimativas de valores genéticos muito mais acuradas.

3.3.2. Análise de componentes principais

A análise de componentes principais (ACP) reduz a quantidade de variáveis originais num conjunto menor, preservando o máximo da variabilidade original. Esta técnica cria eixos ortogonais, que são combinações lineares das variáveis originais, partindo dos autovalores da matriz de covariância das variáveis consideradas. Os dois maiores autovalores geram os dois primeiros componentes principais, que agregam a maior quantidade de variabilidade que quaisquer outros componentes (HAIR et al., 2005).

A genética quantitativa tem dado três direcionamentos ao uso dos componentes principais (CPs): como ferramenta para visualizar padrões de variação genética; para definir parâmetros genéticos a serem estimados; e para separar o número original de variáveis até um conjunto menor de componentes principais fenotípicos e então estimar os parâmetros genéticos destes CPs (KIRKPATRIC; MEYER 2004).

Baker et al. (1988) utilizaram regressão múltipla e componentes principais para examinar as relações entre características da puberdade e crescimento, em bovinos de origem Européia, e observaram que o vetor de componentes principais característico descreveu que as variações entre machos e fêmeas são semelhantes.

Hodgson et al. (1992) determinaram o primeiro componente principal a ser usado como variável dependente em regressão múltipla envolvendo características de carcaça em fêmeas bovinas. A investigação foi conduzida para desenvolver um novo padrão de acabamento de carcaça que identificasse melhor os atributos de palatabilidade.

Mascioli et al. (2000) aplicaram a técnica dos componentes principais (CPs) nas características de crescimento, pesos e ganhos de peso em animais da raça Canchim, e concluíram que a variação dessas características foi bem sumarizada por três componentes principais (75% da variação total), e que os pesos à desmama, aos 24 meses e o ganho de peso entre essas duas pesagens obtiveram maior destaque nas análises.

Cardoso et al. (2003), estudando bovinos da raça Nelore, discutiram que os três primeiros componentes principais explicaram 76% e 71% das variâncias genéticas totais de 4740 vacas e 158 touros, respectivamente. Nesse trabalho, foram usadas DEPs de nove características para análise de componentes principais, e observaram importantes variações em características que determinam precocidade de acabamento e precocidade sexual.

4. Material e Métodos

4.1. Material

Neste estudo foram utilizadas informações de touros da raça Nelore provenientes de rebanhos participantes do Programa do Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN-Nelore Brasil), programa oficial da Associação de Criadores de Nelore do Brasil (ACNB), que é executado pela ANCP. Entre as tecnologias geradas, o PMGRN desenvolve, desde 1995, um teste de progênie de touros jovens conhecido como Reprodução Programada (RP), que tem como finalidade identificar e testar precocemente reprodutores jovens, multiplicando este material genético e gerando, posteriormente, avaliações genéticas mais confiáveis.

Nas análises de tendências genéticas e nos procedimentos multivariados, foram utilizados dados de 234 touros participantes da RP, obtidos junto à base de dados do PMGRN no período de 1996 a 2003. As variáveis utilizadas foram as DEPs das características de pesos aos 120 e 210 dias de idade, efeitos direto e materno (DDPP120, DDPP210, DMPP120 e DMPP210), peso e perímetro escrotal aos 365 e 450 dias de idade, efeito direto (DDPP365, DDPP450, DDPE365 e DDPE450) e idade ao primeiro parto (DDIPP).

Segundo Lôbo et al. (2003) estas características podem ser assim descritas:

Pesos aos 120 e 210 dias de idade, efeito materno: avalia a habilidade materna da vaca, portanto touros com DEPs maternas revelam o potencial das suas progênies em produzir bezerros mais ou menos pesados aos 120 e 210 dias de idade. Os animais com as DEPs mais elevadas são os mais indicados.

Pesos aos 120 e 210 dias de idade efeito direto: avalia o potencial de crescimento dos bezerros até a desmama. Os animais com valores positivos e elevados são indicados.

Peso aos 365 e 450 dias de idade efeito direto: expressam o potencial de crescimento no período pós-desmama. Os animais com DEPs mais elevadas são os mais indicados.

Perímetro escrotal aos 365 e 450 dias de idade: são importantes, pois existe comprovada associação genética favorável entre as DDPE365 e DDPE450 com a precocidade sexual e fertilidade dos animais. As DEPs mais elevadas são as recomendadas.

Idade ao primeiro parto: é uma característica indicadora da precocidade sexual e afeta a produtividade e eficiência reprodutiva do rebanho. Touros com DEPs negativas são indicados, pois expressam os meses a menos para o primeiro parto das fêmeas.

4.1.1. Avaliação Genética

Uma das finalidades do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN) é realizar avaliação genética do plantel de animais das fazendas associadas, a partir da qual, as propriedades passam a contar com uma ferramenta importante na seleção dos animais, que são seus respectivos valores genéticos. A maneira prática de se usar o valor genético na seleção é por meio da Diferença Esperada na Progênie (DEP), que corresponde à metade do valor genético de cada animal, pois, teoricamente, na formação dos gametas, cada animal transmite a metade do potencial genético à geração seguinte. Os valores das DEPs utilizados neste estudo foram obtidos na avaliação genética de 2003. Neste ano, o PMGRN integrava um total de 246 fazendas participantes do programa.

O processo inicia-se nas propriedades com a correta coleta dos dados que são enviados para ANCP para o processamento na base de dados. Assim, um rigoroso sistema de coleta e transferência de informações, conduzido pelo PMGRN e ANCP (Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores), foi implantado nas fazendas para que as informações geradas sejam as mais confiáveis possíveis.

A etapa seguinte é a avaliação genética propriamente dita, ou seja, o cálculo dos parâmetros e valores genéticos que vão gerar as DEPs de cada característica para cada animal vinculado ao programa. Os dados são analisados pela metodologia dos modelos mistos (BLUP), sob modelo animal completo, pela aplicação do software MTDFREML (BOLDMAN et al, 1995) e TKBLUP software (GOLDEN; SNELLING; MALLINCKRODT et al., 1995).

As (co)variâncias são estimadas em análises bicaráter prévias da base de dados do PMGRN, usando o peso aos 120 dias de idade como característica relacional, que estabelece a ligação comum com as outras. As (co)variâncias entre efeitos maternal e direto foram assumidas como zero. Para as predições das DEPs das características em questão, foram utilizadas todas as informações disponíveis, incluindo o desempenho do próprio animal, de sua progênie e dos parentes.

Os modelos estatísticos consideram como efeitos fixos, o efeito de grupo de contemporâneos (sexo, rebanho, ano e estação e sistema de manejo e alimentação) e a classe de idade da vaca ao parto; e como efeitos aleatórios, os efeitos genéticos diretos e maternos e o efeito de ambiente permanente. Os efeitos de ano e estação na formação dos grupos contemporâneos são diferentes para as diversas características, sendo que para os pesos aos 120 e 210 dias de idade eles são considerados efeitos aleatórios; direto e materno para ano e trimestre como efeitos fixos, enquanto que para os pesos e perímetros escrotais aos 365 e 450 dias de idade ao primeiro parto são usados efeitos aleatórios diretos e efeitos fixos de ano e semestre.

A Tabela 1 mostra o número de animais em cada característica, o número de animais envolvidos na matriz de parentescos (A^{-1}), assim como média, desvios padrão e coeficientes de variação das características avaliadas em 2003. Estes números têm aumentado a cada ano, tendo atingido, na avaliação genética de 2005, mais de 600 mil animais na matriz de parentesco e uma

base de dados com mais de 2 milhões de pesagens e 400 mil medidas de perímetro escrotal (Lôbo et al., 2005).

Tabela 1 - Estrutura dos dados utilizados na avaliação genética em abril de 2003

Caracter.	PM120	PM210	P120	P210	P365	P450	PE365	PE450	IPP
N	—	—	171.825	145.700	133.828	121.911	35.381	42.334	69.021
N A⁻¹	458.323	458.323	458.323	350.698	350.698	350.698	350.698	350.698	342.400
Média	—	—	121,6	178,4	231,8	269,5	19,8	22,8	37,9
DP			20,1	30,7	47,6	56,1	2,5	3,1	5,3
CV%			16,6	17,2	20,6	20,8	12,5	13,7	14,1

PM120, PM210, P120, P210, P365, P450: Peso materno aos 120 e 210 dias de idade e peso direto aos 120, 210, 365 e 450 dias de idade (kg); PE365 e PE450: Perímetro Escrotal aos 365 e 450 dias de idade (cm); IPP: Idade ao Primeiro Parto (meses); Caracter: Característica; N: Número de animais avaliados; N A⁻¹: Número de animais na matriz de parentesco; média: média da característica; DP: desvio padrão da característica; CV%: coeficiente de variação da característica (BEZERRA, 2003)¹.

Na Tabela 2, podem ser visualizados os resultados das estimativas dos componentes de variâncias e parâmetros genéticos para as características citadas anteriormente e obtidas na avaliação genética de 2003, base de informações utilizadas nesta pesquisa. A característica usada para a correlação com as demais foi P120; parâmetros da característica IPP foram obtidos por análise unicaráter.

¹ BEZERRA, L.A.F. Estrutura dos dados utilizados na avaliação genética em abril de 2003. 15 de abril de 2003. Informação pessoal..

Tabela 2 – Estimativas de (co)variâncias e parâmetros genéticos para as características analisadas:

Características	Variâncias				COV com P120				Parâmetros		
	σ^2_g	σ^2_m	σ^2_c	σ^2_e	G	m	c	e	h^2_d	h^2_m	R_{120}
P120	42,37	19,29	30,62	91,40	—	—	—	—	0,23	0,11	—
P210	92,83	38,55	5827	177,62	58,58	27,26	41,49	90,13	0,25	0,10	0,93
P365	170,97	—	64,03	299,34	73,61	—	44,20	82,79	0,32	—	0,86
P450	217,16	—	66,96	361,20	79,08	—	45,20	84,05	0,34	—	0,82
PE365	1,02	—	0,15	1,45	1,91	—	1,83	2,56	0,38	—	0,29
PE450	2,16	—	0,31	2,61	2,89	—	2,69	3,77	0,43	—	0,30
IPP	1,21	—	—	11,08	—	—	—	—	0,10	—	—

Características: P120, P210, P365 e P450, peso aos 120, 210, 365 e 450 dias de idade (kg); PE365 e PE450, perímetro escrotal aos 365 e 450 dias de idade (cm); idade ao primeiro parto. σ^2_g = variância genética aditiva; σ^2_m = variância devido a efeito maternal; σ^2_c = variância devido a efeito de ambiente permanente; σ^2_e = variância residual; COV = covariâncias; h^2_d = herdabilidade direta; h^2_m = herdabilidade materna e R_{120} = correlação genética com a característica P120 (BEZERRA, 2003)².

As herdabilidades maternas do peso aos 120 e 210 dias de idade foram 0,11 e 0,10 respectivamente, indicando baixa variância genética aditiva para essas características, enquanto as herdabilidades diretas das características de peso aos 120, 210, 365 e 450 dias de idade foram 0,23, 0,25, 0,32 e 0,34 respectivamente. As características de perímetro escrotal aos 365 e 450 dias de idade foram as que apresentaram maiores valores de herdabilidade: 0,38 e 0,43 respectivamente.

² BEZERRA, L.A.F. Estimativas de (co)variâncias e parâmetros genéticos para as características analisadas. 15 de abril de 2003. Informação pessoal.

O valor de herdabilidade para idade ao primeiro parto foi de 0,10. Esta característica é avaliada isoladamente, de forma unicaráter, e não bicaráter como as demais. Apesar do baixo valor encontrado, esta característica é de grande importância econômica, devendo ser considerada na seleção, pois mesmo que o progresso genético seja lento, gera grandes efeitos econômicos, (LÔBO et al., 2003).

As correlações genéticas entre as características de peso com o peso aos 120 dias de idade foram altas, acima de 0,80, enquanto as correlações entre as características de perímetro escrotal com o peso aos 120 dias de idade foram baixas, porém positivas de 0,29 e 0,30.

4.1.2. Reprodução Programada

Posteriormente aos resultados da avaliação genética do PMGRN, são estabelecidos critérios para pré-seleção dos touros candidatos à RP. Em geral incluem-se: machos com idades entre 12 e 36 meses; machos com Mérito Genético Total (MGT) maior ou igual a 1,11; animais que não apresentem valores negativos para DMPP120, DDPP365 e DDPE365; e aqueles que tenham número de animais no grupo de contemporâneos para peso aos 365 dias de idade maior ou igual a cinco, sendo que, a cada ano esses critérios sofrem alguns ajustes.

Seqüencialmente a essa pré-seleção, e após confirmação do proprietário sobre o interesse em participar da RP, a etapa seguinte é a avaliação fenotípica dos animais nas fazendas, que é realizada por uma equipe técnica previamente estabelecida e treinada.

Posteriormente, esses animais são encaminhados às Centrais de Inseminação Artificial (IA) para colheita de sêmen, que é distribuído para as fazendas interessadas em participar, as quais disponibilizam parte de suas matrizes para serem inseminadas. O objetivo, ao final desse processo, é o de obter um mínimo de 90 progênies de cada touro em teste, distribuídas, pelo

menos em três diferentes propriedades. Essa condição permite melhor conexão entre os rebanhos, aumentando a confiabilidade das avaliações.

Na Tabela 3, encontram-se as informações referentes ao monitoramento anual do número de filhos nascidos por touro obtidos nos rebanhos participantes da RP. O número médio de touros participantes do projeto por ano variou de 15 a 67, sendo que o número médio de progênes por touro e por ano variou de 24 a 560. A explicação para essa diferença é que alguns animais, por serem jovens, ainda não foram usados o suficiente para produzir um número maior de descendentes. Essa particularidade é também observada na distribuição dessas progênes nos rebanhos do PMGRN, que teve variação de 1 a 19 rebanhos, em média, por touro da RP, sendo que touros de participação mais recente possuem seus filhos distribuídos em um número menor de rebanhos. Dependendo do seu desempenho no PMGRN os touros em teste podem participar da RP por até dois anos, para isso precisam estar entre os 20% superiores do grupo avaliado, propiciando condições para o aumento da acurácia.

Tabela 3 - Número de filhos por touro e número médio de rebanhos participantes da Reprodução Programada no período de 1996-2003.

ANO	N	Média do número de filhos	Número médio de rebanhos
1996	24	560	19
1997	15	324	10
1998	21	369	14
1999	22	229	8
2000	49	248	11
2001	53	70	4
2002	67	46	3
2003	48	24	1
	299		

N: número de touros jovens participantes da Reprodução Programada

A Figura 2 mostra as principais fazendas de origem dos touros da RP, que contribuíram com um mínimo de oito touros durante o período analisado, assim como o número de touros classificados entre os 30% superiores da RP (TOP30%) para as DEPs das características de perímetro escrotal aos 365 dias de idade e idade ao primeiro parto. O critério básico para a inclusão da fazenda no estudo foi o fornecimento de um mínimo de oito touros para a RP.

Pode-se verificar que as fazendas A, C e E foram as que mais contribuíram com animais para RP, fornecendo 21, 24 e 15 touros respectivamente, enquanto as fazendas C e F se destacaram quanto ao fornecimento de animais com DEPs superiores para as características de fertilidade, pois mais da metade dos animais pertencentes a essas fazendas foram classificados entre os TOP30% para PE365 e IPP.

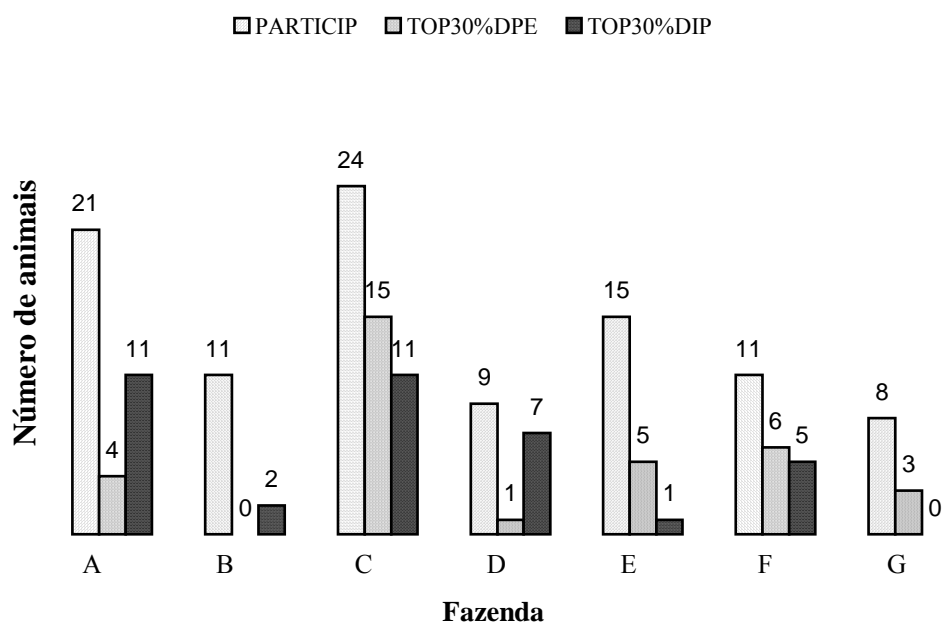


Figura 2. Fazendas de origem dos touros da Reprodução Programada (RP), e número de animais entre os 30% superiores (TOP30%) para Diferença Esperada na Progenie para as características de perímetro escrotal (DPE, cm) e idade ao primeiro parto (DIP, meses).

4.2. Métodos

4.2.1. Tendência Genética das características

Para obtenção das tendências genéticas das características em estudo, foram construídos gráficos de dispersão das DEPs dos touros, em função do ano de nascimento, nos quais foram adicionadas linhas de tendências e as equações de regressão linear.

4.2.2. Análise Multivariada

As análises multivariadas de agrupamento k-médias e componentes principais, foram aplicadas às DEPs com valores padronizados, resultando todas em média nula e variância unitária (HARTINGAN, 1975). A não padronização pode levar a inconsistências nas soluções das duas técnicas, já que a maioria das medidas de distância é bastante sensível a diferentes escalas ou magnitudes das variáveis.

Estes procedimentos estatísticos foram realizados com o auxílio do software *Statistica* (STATSOFT, 2004), e são classificados no contexto das análises multivariadas como técnicas de interdependência, nas quais nenhuma variável é definida como independente ou dependente, pois o processo envolve a análise simultânea de todas as variáveis em conjunto.

4.2.2.1. Análise de Agrupamento (k-médias)

Esta técnica pertence à família de métodos classificatórios não hierárquicos e não supervisionados. Busca a melhor solução na divisão de grupos, de tal modo que a semelhança dentro de grupos e as diferenças entre grupos sejam máximas (REIS, 2001; PÉREZ, 2001; HAIR et al., 2005).

O algoritmo geral do método pode ser assim descrito:

a) Escolher *k* *distintos valores* para centros dos grupos. Podem ser utilizadas *k* *sementes aleatórias* para assumir cada centro inicial dos grupos ou utilizar uma pequena parte dos dados para calcular centros iniciais dos grupos;

b) Associar cada ponto ao centro mais próximo;

c) Recalcular o centro de cada grupo;

d) Repetir os passos *b)* e *c)* até não haver alterações.

Das tentativas realizadas na formação de grupos de animais com DEPs similares, *k=3* foi o valor que melhor representou uma estrutura classificatória dos touros em grupos. Como medida de similaridade entre os animais foi utilizada a distância euclidiana num espaço de sete dimensões, que corresponde às DEPs das sete características estudadas.

A distância euclidiana num espaço multidimensional pode ser assim descrita:

$$d(x,y) = \{S_i (x_i - y_i)^2\}^{1/2} \quad \text{onde:}$$

$d(x,y)$ = distância entre objeto *x* e *y*

S_i = somatório de *i* dimensões

4.2.2.2. Análise de Componentes Principais

A partir dos grupos gerados pelo método de agrupamento *k*-médias, os touros foram codificados conforme o grupo pertencente (1, 2 ou 3) e então foi aplicada a técnica de componentes principais (STATSOFT, 2004; HAIR et al., 2005), utilizando as DEPs das características maternas de peso aos 120 e 210 dias de idade, diretas de peso e perímetro escrotal aos 365 e 450 dias de idade e idade ao primeiro parto, para visualizar a distribuição dos grupos de

touros no plano bidimensional formado por componentes principais, bem como interpretar o poder discriminatório das DEPs dessas características em cada componente principal, conforme:

$$r_{x_j}(CP_h) = \frac{a_{jh} \sqrt{\lambda_h}}{S_j}, \text{ onde:}$$

S_j = desvio padrão da variável j ,

a_{jh} = coeficiente da variável j no h -ésimo componente principal,

λ_h = autovalor h

$r_{x_j}(CP_h)$ = correlação da variável x_j com o h -ésimo componente principal

Os autovetores (CP_1, CP_2, \dots, CP_h) são construídos a partir dos autovalores da matriz de covariância das DEPs em ordem decrescente, sendo assim, o CP_1 é o componente que retém maior quantidade de variabilidade do conjunto original dos dados, enquanto o último componente retém a menor quantidade.

A variância retida em cada componente principal pode ser calculada da seguinte forma:

$$CP_h = \frac{\lambda_h}{\text{traço}(C)} \times 100 \quad \text{onde;}$$

CP_h = componente principal h ;

λ_h = autovalor h ;

C = matriz de covariância e $\text{traço}(C) = \lambda_1 + \lambda_2 + \dots + \lambda_h$.

Ao conjunto de dados utilizado foram incluídos seis touros, GM, LD, GO, RG, ZF e Controle, com o objetivo de auxiliar na interpretação dos grupos formados. Os touros GM, LD e GO são conhecidos como genearcas nacionais da raça Nelore e RG, ZF e Controle foram incluídos por representarem os extremos da amostra.

5. Resultados e Discussão

5.1. Análise descritiva dos dados

Na Figura 3 encontram-se os histogramas de distribuição de freqüências para as DEPs das características DMPP120, DMPP210, DDPP120, DDPP210, DDPP365, DDPP450, DDPE365, DDPE450 e DDIPP. Observa-se que todas as DEPs se aproximam da distribuição normal, uma vez que os valores probabilísticos das mesmas estão agrupados em torno da média em um padrão simétrico.

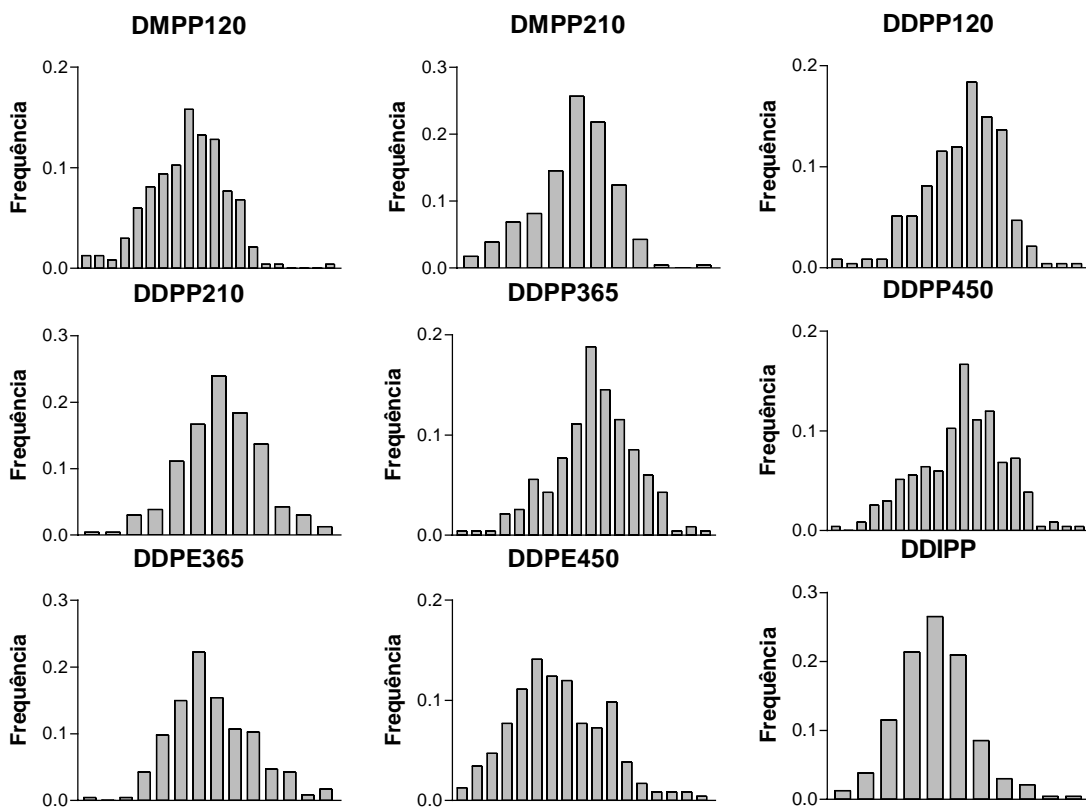


Figura 3. Histograma de distribuição de freqüências das DEPs das características de peso (kg) aos 120 e 210 dias de idade efeitos materno e direto (DMPP120, DMPP210, DDPP120 e DDPP210), peso (kg) e perímetro escrotal (cm) aos 365 e 450 dias de idade (DDPP365, DDPP450, DDPE365 e DDPE450) e idade ao primeiro parto (meses) (DDIPP), dos touros da Reprodução Programada .

Na Tabela 4 encontram-se os valores das médias, desvios padrão, mínimos e máximos e acurácias médias das DMPP120, DMPP210, DDPP120, DDPP210, DDPP365, DDPP450, DDPE365, DDPE450 e DDIPP dos 234 touros da RP. Foram observados bons desempenhos quanto às médias das características, visto que resultaram em valores positivos para DEPs tanto para peso como perímetro escrotal, e negativo para idade ao primeiro parto, ressaltando que valores negativos para DDIPP são desejáveis, por implicar na redução na idade ao primeiro parto nas fêmeas bovinas principalmente nas raças Zebuínas.

Quanto às acurácias, os valores foram baixos para as características maternas e para DDIPP, sugerindo que, em média, as DEPs destas características possuem pouca confiabilidade neste conjunto de animais. As demais características mostraram maiores valores de acurácias, sendo que o maior valor foi para DDPP120 e DDPP210. Estas características normalmente possuem mais informações tanto das medidas do próprio animal como de suas progênies, que normalmente permanecem na fazenda no mínimo até a desmama. Os registros zootécnicos podem ser feitos precocemente nestas características, favorecendo o aumento da acurácia, o que também foi mencionado por Carneiro et al. (2001). Por outro lado, as características maternas ou de idade ao primeiro parto são mais tardias, já que para se ter as anotações de medidas maternas é necessário que os filhos das progênies fêmeas atinjam 120 dias de idade. Isso interfere no número de informações de um determinado animal na avaliação genética, reduzindo assim o valor da acurácia.

Devido ao elevado número de informações de parentesco, a característica peso aos 120 dias de idade normalmente é usada na avaliação genética como característica “âncora”, em análises bicaracteres. Este procedimento aumenta a acurácia, pois como a análise é conjunta, o peso aos 120 dias de idade eleva o nível de informação da análise, como foi citado por Lôbo et al. (2003).

Tabela 4 – Média, Desvios Padrão, Mínimo, Máximo e Acurácia Média da Diferença Esperada da Progênie (DEP) para as características avaliadas nos touros da Reprodução Programada.

Características	DEPs				Acurácia Média
	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo	
DMPP120	1,32	1,40	-2,64	6,94	0,20
DMPP210	1,93	1,82	-2,93	8,20	0,14
DDPP120	4,05	2,60	-4,37	11,65	0,45
DDPP210	5,91	3,71	-6,27	15,65	0,45
DDPP365	10,56	5,71	-7,92	25,73	0,38
DDPP450	11,48	6,60	-8,21	29,92	0,42
DDPE365	0,28	0,45	-1,06	1,57	0,35
DDPE450	0,35	0,62	-0,93	2,18	0,38
DDIPP	-0,15	0,31	-0,96	1,08	0,16

DEPs: Diferenças Esperadas na Progênie; DDPP120, DDPP210, DMPP120 e DMPP210: DEP direta e materna de peso aos 120 e 210 dias de idade (kg); DDPP365, DDPP450, DDPE365 e DDPE450: DEP direta de peso e perímetro escrotal aos 365 e 450 dias de idade (kg e cm); DDIPP: DEP direta de idade ao primeiro parto (meses).

5.2. Tendências genéticas

As tendências genéticas das características analisadas apresentaram, em menor ou maior grau, progresso genético linear durante o período estudado (Figura 4). Este fato pressupõe que a seleção que vem sendo praticada ao longo dos anos foi eficaz, visto que os touros de participação mais recentes foram em geral geneticamente superiores aos mais antigos, mostrando assim, a dinâmica do PMGRN e a importância da renovação dos touros, confirmando os resultados de Bezerra in Lôbo et al. (2003) e Freitas et al. (2003).

Deve-se observar que este sucesso é atribuído a alguns fatores importantes que controlam o progresso genético num conjunto de animais. Dentre estes fatores, pode-se citar: avaliação genética que permita identificação dos animais superiores, a existência de variabilidade genética na população e aplicação diferencial de seleção nesta variabilidade. Costa et al. (2004), Garcia et

al. (2003), Ferraz Filho et al. (2002), Holanda et al. (2004) e Cyrillo et al. (2001) mostraram em suas pesquisas que algumas características apresentaram progressos genéticos nulos ou bastante reduzidos.

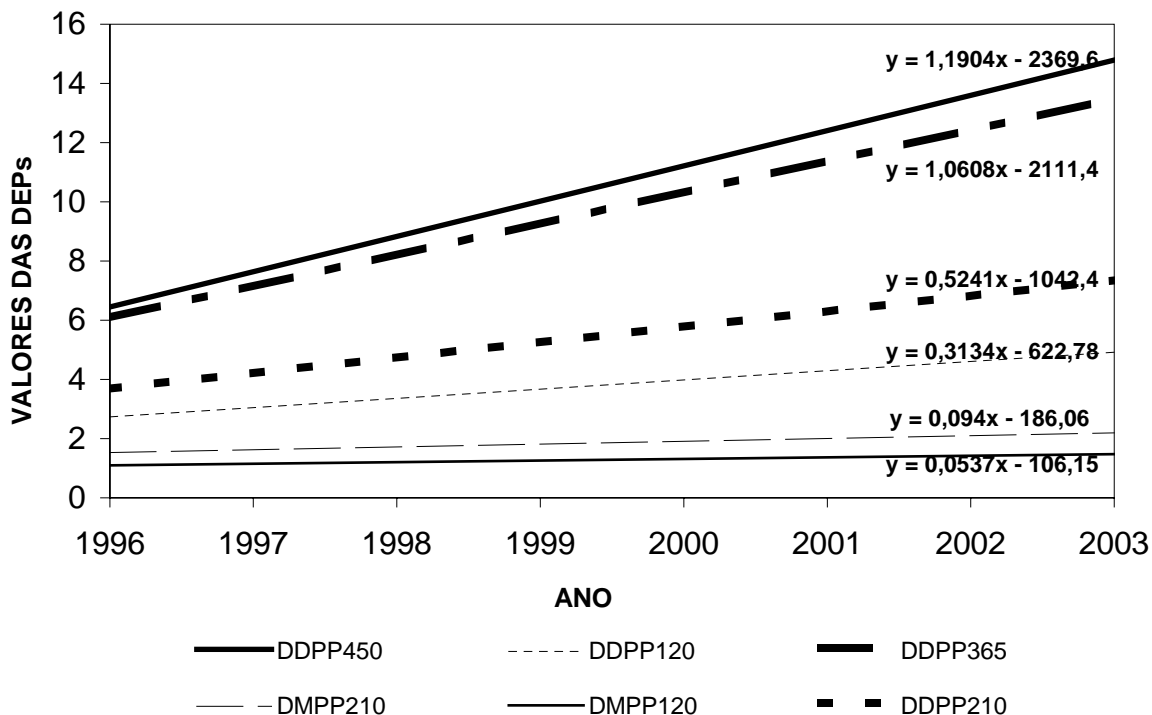


Figura 4. Evolução do mérito genético das DEPs de peso (kg) aos 120 e 210 dias de idade efeito materno (DMPP120 e DMPP210), peso (kg) aos 120, 210, 365 e 450 dias de idade, efeito direto (DDPP120, DDPP210, DDPP365, DDPP455 e DDPP550).

Entre as características de crescimento, as DMPP120 e DMPP210 apresentaram os mais baixos valores de tendências genéticas, mostrando aumento de 0,0537 e 0,0940 kg/ano respectivamente. No entanto, apesar da grande importância econômica dessas características, o progresso genético normalmente é lento pela pouca variabilidade genética que é peculiar às características maternas. Ferraz Filho et al. (2002) também observaram valores baixos e

negativos, enquanto Garcia et al (2003) obtiveram valores opostos entre as características direta e materna, sendo esta última negativa.

Na seqüência, pode-se observar as tendências das DEPs diretas de crescimento DDPP120, DDPP210, DDPP365 e DDPP450 que obtiveram ganhos de 0,3134, 0,5241, 1,0608 e 1,4670 kg/ano respectivamente, que se equivalem aos valores de 0,25%, 0,29%, 0,45% e 0,54% em relação à média da população. Esses resultados variaram muito pouco em relação à literatura consultada. Cyrillo et al. (2001) e Garcia et al. (2003) estimaram valores ligeiramente mais altos, Mello et al. (2002) observaram valores semelhantes e Euclides Filho et. al. (2000), Ferraz Filho et al. (2002), Dominguez-Viveiros et al. (2003) e Holanda et al. (2004), encontraram valores mais baixos. No entanto, é importante salientar todos esses resultados estão aquém do progresso genético máximo esperado com a seleção, que é em torno de 3% (SMITH, 1985). Entretanto, é conveniente lembrar que na RP os animais passaram por uma pressão de seleção altíssima, e tão importante quanto ocorrer progresso genético dentro do conjunto de touros na RP, seria verificar impacto desses touros nos rebanhos que os utiliza.

A DDPP450 apresentou maior ganho genético anual, indicando que, os touros da RP levariam suas progênieas a maiores progressos genéticos para essa característica. Bezerra (2003) analisando o impacto da RP sobre os rebanhos do PMGRN demonstrou que a DDPP450 conferiu maior progresso genético, propiciando aumento de 5,96 kg para 9,52 kg nos seis anos da pesquisa.

A participação dos touros da RP nos rebanhos do Programa Nelore Brasil vem aumentando no decorrer dos anos. No ano de 2002, 25% dos animais nascidos no PMGRN eram provenientes de reprodutores selecionados na RP e estes conferiram importantes incrementos genéticos (Lôbo et al., 2003).

Com referência às características de fertilidade, pode-se observar, na figura 5, os gráficos das linhas de tendências feitas entre as DDPE365, DDPE450 e DDIPP em função do ano de participação da RP. As três características apresentaram desempenho desejável quanto à evolução das DEPs nos anos estudados, sendo que as DDPE365 e DDPE450 apresentaram aumento de 0,051 e 0,063 cm por ano e a DDIPP obteve redução anual de 0,026 mês, representando 0,25%, 0,27% e 0,06% em relação à média da população do PMGRN. Estes resultados são semelhantes aos relatados por Cyrillo et al. (2001) e Costa et al. (2004). Nomelini et al. 2005 trabalhou com animais do PMGRN e encontrou valor de redução anual para idade ao primeiro parto um pouco menor ao encontrado nesta pesquisa.

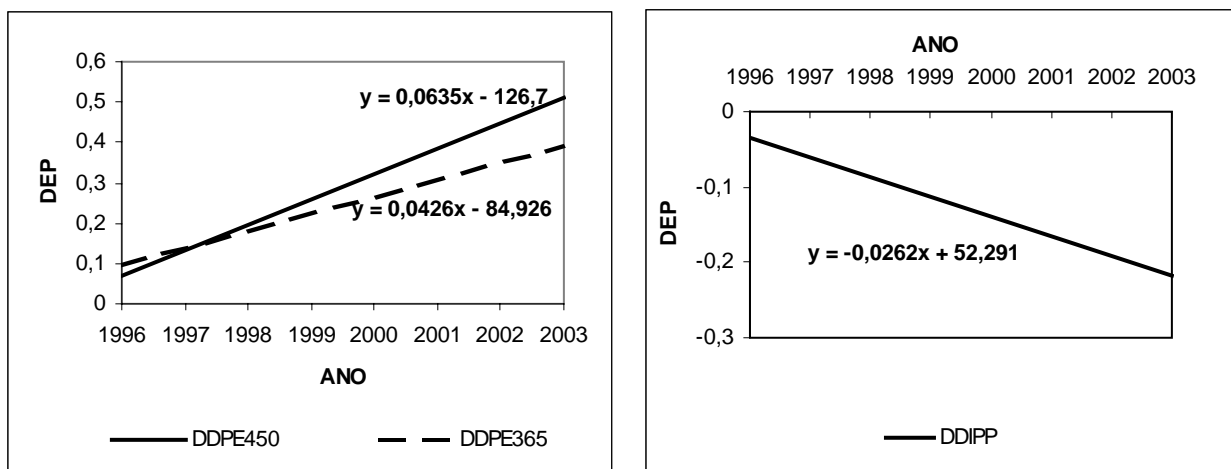


Figura 5. Evolução do mérito genético das Diferenças esperadas da progênie (DEPs) de perímetro escrotal aos 365 e 450 dias de idade (DDPE365 e DDPP450, cm) e idade ao primeiro parto (DDIPP, meses) em função do ano de participação na Reprodução Programa.

A DDIPP normalmente mostra baixos valores de progresso genético, devido provavelmente à reduzida variabilidade genética e/ou a grande influência do ambiente. No entanto ela não deve ser desprezada na seleção, pois pequenos progressos na idade ao primeiro parto podem conferir

grande avanço econômico no processo produtivo da bovinocultura de corte pela redução na idade ao parto das fêmeas zebuínas.

5.3. Análise Multivariada

5.3.1. Análise de Agrupamento (k-médias)

Na Tabela 5, tem-se as médias das DEPs e acurácias das características de crescimento e fertilidade para cada um dos três grupos formado pelo método k-médias. As idades médias de cada grupo foram de 8,06, 5,67 e 6,39 anos para os grupos 1, 2 e 3, respectivamente, onde se observa que a média de idade do grupo 1 foi a mais alta. Supõe-se que animais mais velhos apresentem melhores acurácias pela possibilidade de possuírem um número maior de filhos, porém as médias das acurácias das características observadas na tabela 5, foram semelhantes para os três grupos. Esta semelhança pode estar relacionada ao teste de progênie (RP) pois uma de suas conseqüências, quando bem estruturado, é aumentar a acurácia dos animais jovens devido a oportunidade de gerar um maior número de filhos em diferentes rebanhos em diversas regiões do país.

Tabela 5. Valores médios da Diferença Esperada na Progenie de cada característica nos três grupos formados pelo método k-médias.

Característica	Grupo 1 (N=55)		Grupo 2 (N=69)		Grupo 3 (N=116)	
	Média	Acurácia média	Média	Acurácia média	Média	Acurácia média
DMPP120	-0,84	0,23	-0,09	0,23	0,45	0,19
DMPP210	-0,93	0,16	-0,02	0,15	0,46	0,13
DDPP365	-1,21	0,44	0,61	0,47	0,21	0,39
DDPP450	-1,21	0,47	0,63	0,50	0,19	0,43
DDPE365	-0,83	0,38	1,17	0,40	-0,30	0,36
DDPE450	-0,80	0,40	1,21	0,43	-0,33	0,39
DDIPP	0,39	0,18	-0,27	0,19	-0,02	0,16

N= número de animais; DMPP120 e DMPP210: DEP materna de peso aos 120 e 210 dias de idade (kg); DDPP365, DDPP450, DDPE365 e DDPE450: DEP direta de peso e perímetro escrotal aos 365 e 450 dias de idade (kg e cm); DDIPP: DEP direta de idade ao primeiro parto (meses);

Na figura 6, constam os perfis das médias das DMPP120, DMPP210, DDPP365, DDPP450, DDPE365, DDPE450 e DDIPP em cada um dos três grupos definidos, conforme Tabela 5. As médias das DEPs do grupo 1 foram inferiores em relação ao grupo 2 e 3, sendo que estes dois últimos grupos apresentaram comportamentos distintos entre as DEPs das características maternas de peso aos 120 e 210 dias de idade e das características diretas de peso e perímetro escrotal aos 365 e 450 dias de idade. O grupo 2 foi o que apresentou menores valores de médias para DEPs maternas e valores mais altos para as DEPs diretas de peso, fato que pode fornecer aos produtores condições para uma melhor escolha quanto à habilidade materna ou de crescimento dos animais, de acordo com seus interesses e objetivos de seleção.

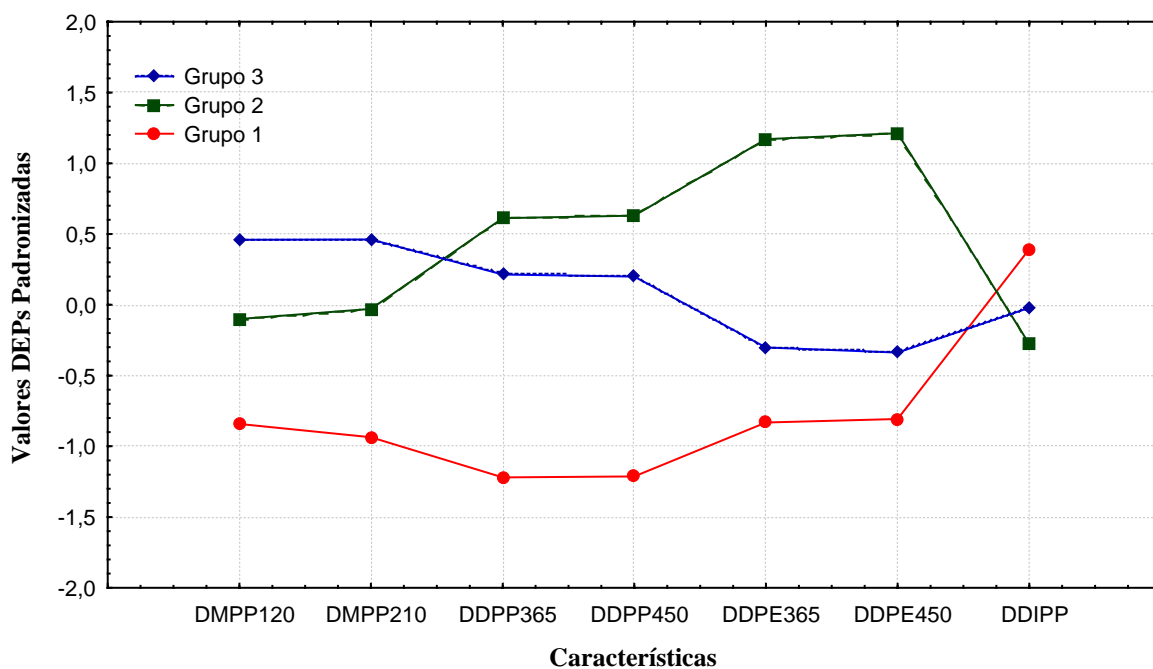


Figura 6. Médias das Diferenças Esperadas na Progenie (DEPs) para cada grupo formado pelo método k-médias ($k=3$): DEP materna de peso aos 120 e 210 dias de idade, kg (DMPP120 e DMPP210), DEP direta peso (kg) e perímetro escrotal (cm) aos 365 e 450 dias de idade (DDPP365, DDPP450, DDPE365 e DDPE450 respectivamente) e idade ao primeiro parto, dias (DDIPP).

Na tabela 6, encontram-se os resultados da análise de variância onde se testou a significância das DEPs das características (DMPP120, DMPP210, DDPP365, DDPP450, DDPE365, DDPE450 e DDIPP) em cada grupo touros separados pelo método k-médias, verificou-se que todas as DEPs apresentaram diferenças significativas entre grupos ($p < 0,0005$).

Tabela 6 - Análise de variância entre os três grupos criados pelo método k-médias.

Característica	SQ-entre grupos	gl	SQ-dentro de grupos	gl	F	P
DMPP120	63,3717	2	174,6282	236	42,821	<0,0005
DMPP210	72,5104	2	165,4896	236	51,702	<0,0005
DDPP365	112,5826	2	125,4174	236	105,924	<0,0005
DDPP450	112,3858	2	125,6142	236	105,573	<0,0005
DDPE365	143,1040	2	94,8960	236	177,944	<0,0005
DDPE450	150,1423	2	87,8577	236	201,653	<0,0005
DDIPP	13,8869	2	244,1131	236	7,311	0,0008

DMPP120 e DMPP210: DEP materna de peso aos 120 e 210 dias de idade (kg); DDPP365, DDPP450, DDPE365 e DDPE450: DEP direta de peso e perímetro escrotal aos 365 e 450 dias de idade (kg e cm); DDIPP: DEP direta de idade ao primeiro parto (meses); gl: Graus de liberdade; F: valor de F; P: probabilidade; SQ: soma de quadrados.

5.3.2. Análise de Componentes Principais

A distribuição dos touros, de acordo com os dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2), seguiu o mesmo padrão de classificação dos três grupos obtidos pela análise de agrupamento. Constatou-se que a soma da variabilidade retida nestes componentes explicou 70,22% da variabilidade original, sendo que o CP1 e CP2 retêm, cada um, 44,91% e 25,42% respectivamente. Esses resultados foram porém levemente superiores aos relatados por Cardoso et al. (2003),

Os valores das correlações entre cada DEP e os dois primeiros componentes principais constam na Tabela 7. Verifica-se no CP1, alto poder discriminatório das DEPs diretas das características de peso e perímetro escrotal, que obtiveram correlações de -0,85, -0,85, -0,77 e -0,76, para DDPP365, DDPP450, DDPE365 e DDPE450 respectivamente; enquanto em CP2 o

poder discriminatório das DEPs das características maternas de peso, apresentaram correlações de -0,86 para DMPP120 e -0,84 para DMPP210.

Tabela 7: Correlações entre as DEPs das características avaliadas e os componentes principais 1 e 2.

Características	Componente Principal 1	Componente Principal 2
DMPP120	-0,42	-0,86
DMPP210	-0,47	-0,84
DDPP365	-0,85	0,09
DDPP455	-0,85	0,07
DDPE365	-0,77	0,39
DDPE455	-0,76	0,40
DDIPP	0,36	0,04

DMPP120 e DMPP210: DEP materna de peso aos 120 e 210 dias de idade (kg); DDPP365, DDPP450, DDPE365 e DDPE450: DEP direta de peso e perímetro escrotal aos 365 e 450 dias de idade (kg e cm); DDIPP: DEP direta de idade ao primeiro parto (meses).

Na figura 7, observa-se a distribuição bi-dimencional dos touros, de acordo com os dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2), e codificados segundo os grupos formados pelo método k-médias. Na horizontal (CP1), é contrastante o posicionamento entre os grupos 1 (à direita) e 2 (à esquerda). As DEPs com maior poder discriminatório no primeiro componente principal foram: DDPP365 e DDPP450 (correlações próximas de -0,85) e DDPE365 e DDPE450 (correlações próximas de -0,77). Como essas correlações são negativas, indicam que quanto mais um touro do grupo 2 se posicionar à esquerda no eixo horizontal (CP1), maior será o valor dessas DEPs. Embora com pouco poder discriminante, a única correlação positiva (0,38) foi com a DDIPP indicando que quanto mais um touro se localizar à direita, no eixo horizontal, maiores serão os valores dessa DEP.

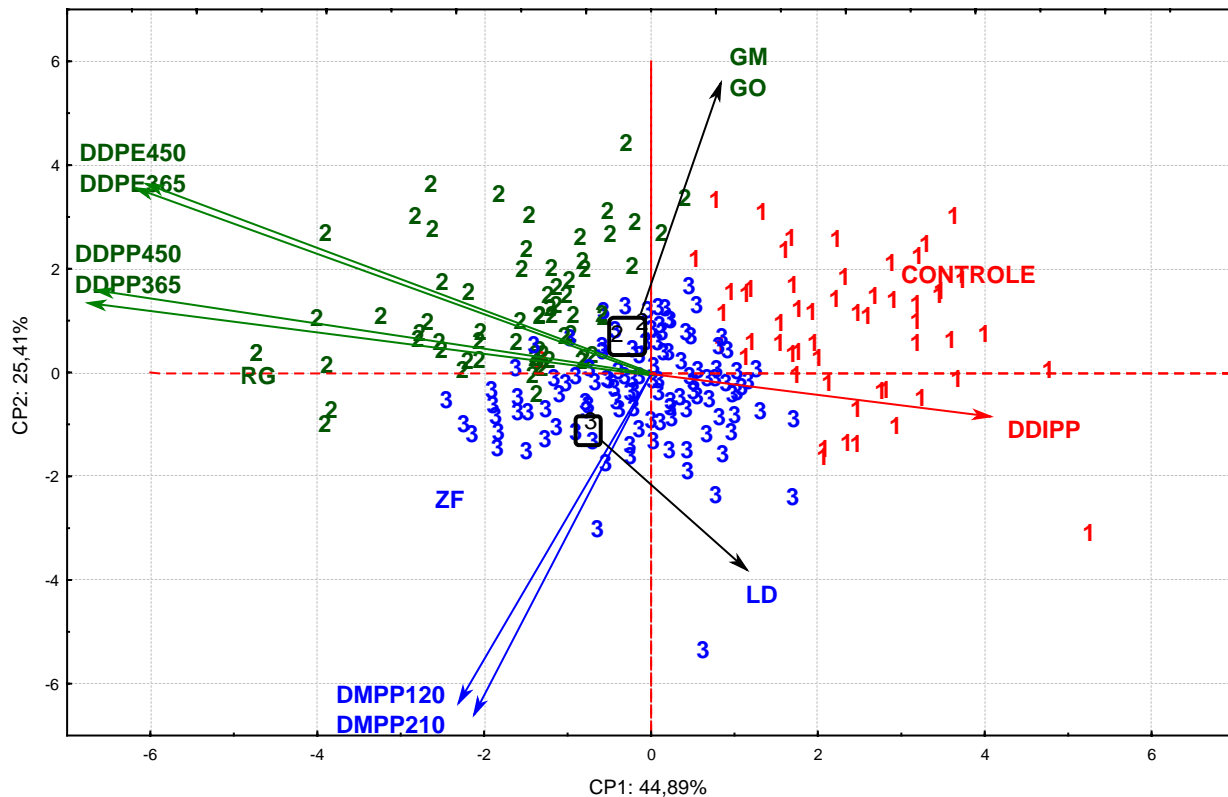


Figura 7. Distribuição dos touros da Reprodução Programada e dos touros RG, LD, GM, GO, ZF e Controle de acordo com os componentes principais 1 e 2 (CP1 e CP2), indicando os grupos em que cada animal está inserido: grupo 1 (1), grupo 2 (2) e grupo 3 (3). CP1: 44,76% = variância retida no CP1 e CP2: 25,46% = variância retida no CP2.

Quanto ao segundo componente principal, as DEPs discriminatórias estão relacionadas ao efeito materno DMPP120 e DMPP210, tendo correlações negativas próximas de -0,87. Assim, quanto mais abaixo for a posição de um touro, maior serão os valores dessas DEPs. Ainda na figura 7, observam-se os vetores obtidos na análise de componentes principais, em que pode ser notada uma associação íntima do grupo 2 com as DEPs diretas de peso e perímetro escrotal, enquanto que o grupo 3 está associado às DEPs maternas de peso, e o grupo 1 encontra-se associado a DEP da característica de idade ao primeiro parto, embora essa associação seja fraca.

Isso confirma as correlações obtidas entre as DEPs das características e os componentes principais.

Encontra-se também, na figura 7, a localização dos animais tomados como referência, codificados como RG, GM, LD, GO, ZF e Controle, em conjunto com os 234 touros analisados. Os touros RG, ZF e Controle se posicionam em grupos específicos: o RG posicionou-se na horizontal e na esquerda, tendo valores de DEPs diretas de peso e perímetro escrotal semelhantes aos touros dos grupos 2; o animal Controle posicionou-se na horizontal e na direita, possuindo valores de DEPs semelhantes aos touros do grupo 1; e o touro ZF posicionou-se na horizontal à esquerda e na vertical abaixo, possuindo valores de DEPs semelhantes aos touros do grupo 3.

Os touros GM, GO e LD, posicionaram-se próximos à origem (0,0), não possuem características genéticas discriminatórias e estão envolvidos geneticamente com todos os touros analisados, o que foi observado também por Vozzi et al. (2003), que, estudando o parentesco entre os touros selecionados para Reprodução Programada com os principais genearcas da raça Nelore, observaram que o touro LD apresentou parentesco de 95% com amostra analisada.

Assim, a análise de componentes principais confirma e complementa a divisão realizada pela análise de agrupamento (figura 6), onde os touros dos grupos 2 e 3 tendem a possuir qualidades genéticas superiores em relação aos touros que constituem o grupo 1.

A figura 7 mostra ainda que o touro RG, conhecido como possuidor de qualidades genéticas superiores no PMGRN, e por se posicionar no extremo de um eixo, possui características discriminatórias relevantes. Este animal está localizado dentro do grupo 2, conseqüentemente, pode-se supor que, nesse grupo, cada touro próximo a ele tenha características genéticas semelhantes, o que contribuiria na classificação de reprodutores, auxiliaria nos programas de seleção em bovinos de corte e principalmente aos criadores da raça Nelore em suas decisões de

acasalamento seus rebanhos. A mesma discussão é válida para o touro ZF e Grupo 3, bem como para touro Controle e Grupo 1.

6. Considerações Finais

As técnicas multivariadas empregadas necessitam ser mais testadas e confirmadas em outras pesquisas. Porém, neste conjunto de animais da RP, os touros foram separados em 3 grupos, sendo que cada qual possui medidas similares de DEP. Convém salientar que quanto mais à esquerda ou à direita, na horizontal, e mais acima e mais abaixo, na vertical, mais discrepante é o animal quanto às DEPs analisadas. Assim, os animais localizados nos extremos dos eixos na Figura 7, devem ser preferidos ou excluídos em processos de seleção de touros. Esta análise ainda fornece embasamento teórico para se optar por animais de menor custo, mas com conjunto de valores de DEPs similares.

Quanto ao uso de animais jovens é conhecido que estes implicam em certo risco, pois normalmente eles possuem baixa acurácia, porém esse risco pode ser minimizado pela utilização de vários touros. Assim sendo as técnicas aplicadas nesta pesquisa permitem separar grupos de animais jovens com valores de DEPs bastante similares, preservando portanto os critérios de seleção.

Outra consideração a ser feita é que os touros utilizados na RP foram pré-selecionados de acordo com critérios de seleção compostos em um índice (LÔBO et al., 2003), sendo animais de potencial genético superior, ideais para estabelecimento de padrões de semelhança, o que contribui na qualidade dos resultados das análises estatísticas.

No caso específico da RP e do PMGRN, a dimensão da base de dados utilizada no programa permite a seleção de um grande número de touros, mesmo que a pressão de seleção praticada seja alta. Para os profissionais envolvidos com os programas de melhoramento genético

de bovinos, a escolha dos melhores reprodutores não é fácil. Assim, os procedimentos multivariados, pelas suas qualidades em resumir as informações pós-avaliação genética, muito podem contribuir para o PMGRN que atualmente utiliza o índice do MGT na seleção dos animais.

É importante salientar que os resultados dos métodos k-médias e componentes principais encontrados neste estudo, dependem das suposições de qualidade das DEPs obtidas nas avaliações genéticas. Apesar disso, estes procedimentos podem constituir uma boa ferramenta de auxílio nas tarefas do PMGRN e qualquer outro programa de melhoramento genético. Outro fator importante é a acurácia não considerada nestas análises. Ao comparar touros dentro de um mesmo grupo 1, 2 ou 3, deve-se ponderar também os questionamentos habituais quanto à confiabilidade das DEPs.

Essas técnicas classificatórias poderiam ser aplicadas também para quaisquer grupos de touros ou outros animais, cujos objetivos sejam a separação em lotes homogêneos, como no caso de leilões, venda de animais, separação de linhagens, usos específicos em rebanhos ou para separar grupos ou lotes de manejo, entre outros. Assim, as técnicas classificatórias devem ser aplicadas utilizando pesagens, sexo, idade, níveis de energia na nutrição entre outras além das variáveis genéticas (DEPs), como as usadas no presente estudo.

Ainda sobre o potencial de uso dessas técnicas para otimização do melhoramento genético nos bovinos de corte, pode-se visualizar definição de acasalamentos, em que poderiam ser formados grupos balanceados de fêmeas e machos e sugerir acasalamentos dirigidos entre animais destes grupos, de forma a corrigir ocasionais deficiências de certa característica dentro de um grupo. Assim, para um determinado grupo de fêmeas, que possuam DEPs maternas baixas, poder-se-ia indicar acasalamentos com touros que compõem um grupo de DEPs maternas altas, a fim de suprir tal deficiência. Especificamente no caso PMGRN-Nelore Brasil esses

procedimentos de divisão de grupos poderiam ser bastante úteis, quando do uso do Sistema Otimizado de Acasalamento Genético (SOAG), para facilitar a escolha dos reprodutores.

6. Conclusões

Com base nos resultados obtidos nesta pesquisa pode-se concluir que:

1- Ocorreu progresso genético nos touros da Reprodução Programada para todas as características durante o período estudado, indicando que a estratégia de seleção praticada vem sendo efetiva. A DEP da característica de peso aos 450 dias de idade proporcionou o maior progresso genético.

2- As técnicas multivariadas de agrupamento k-médias e componentes principais mostraram-se eficientes para a classificação dos animais em grupos, identificando padrões de semelhança, sendo que as DEPs de maior destaque na separação dos grupos foram as de peso e perímetro escrotal aos 365 e 450 dias de idade.

3- Os procedimentos multivariados também foram eficientes para resumir as informações geradas na avaliação genética, promovendo maior facilidade na identificação dos animais mais adequados para determinados rebanhos.

4- As técnicas multivariadas podem ser incorporadas às demais ferramentas utilizadas na seleção de touros.

Referências

ACORSI, M. F. **Avaliação da fertilidade de touros jovens do pmgrn por meio da técnica de reprodução In Vitro de embriões**. 2000. 35f. Monografia (conclusão do curso) - Faculdade de Filosofia Ciências e Letras de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 2000.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE INSEMINAÇÃO ARTIFICIAL (ASBIA). **Resultado da Comercialização de sêmen 2004**. Uberaba, 2004. Disponível em: <<http://www.asbia.org.br>> Acesso em: 6 mar. 2006.

ASSOCIAÇÃO NACIONAL DE CRIADORES E PESQUISADORES (ANCP). **Impacto da Reprodução Programada nos Rebanhos do PMGRN**. Ribeirão Preto-SP 2004. Disponível em: <<http://www.ancp.org.br>> Acesso em: 10 fev. 2004.

BAKER, J. F.; STEWART, T. S.; LONG, C. R.; CARTWRIGHT, T. C. Multiple regression and principal components analysis of puberty and growth in cattle. **Journal of Animal Science**, Albany, v. 66, n. 9, p. 2147-2158, Sep, 1988.

BENEDETTI, E. R.; ELIAS, F. P.; FERNANDES, M. B.; VILA, R. A.; GALERANI, M. A.; LÔBO, R. B. Embriões *in vitro* para TE: período de seleção. **Acta Scientiae Veterinariae**, Porto Alegre, v. 31, p. 250, 2003. Anais, 17^o Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Tecnologia de Embriões, 2003, apresentado em Beberibe.

BEZERRA, L. A. F. Reprodução Programada - quem acredita, ganha! In: LOBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; OLIVEIRA, H. N.; MAGNABOSCO, C. U.; ZANBIANQUI, A. R.; ALBUQUERQUE, L. G.; BERGMANN, J. A. G.; SAINZ, R. D. **Avaliação genética de animais jovens, touros e matrizes**. Ribeirão Preto: GEMAC /FMRP/ USP, 2003. p.28.

BITTENCOURT, T. C. C. **Estimativa de Ponderadores Econômicos para Características de Importância Econômica em Gado de Corte, Usando Equações de Lucro**. 2001. 62 f. Tese (Doutorado em Genética) - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 2001.

BOLDMAN, K. G. A.; KRIESE, L. D., VAN VLECK, C. P. VAN TASSELL, C. P., KACHMAN, S. D. **A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variance and covariances**. Washington, USDA ARS: 1995, 120p.

CARDOSO V.; ROSO V. M.; SEVERO J. L. P.; QUEIROZ S. A.; FRIES L. A. Formando lotes uniformes de reprodutores múltiplos e usando-os em acasalamentos dirigidos, em populações Nelore. **Revista Brasileira Zootecnia**, Viçosa, v.32,n.4, p.834-842 jul./ago. 2003.

CARNEIRO, A. P. S.; TORRES, R. A.; EUCLYDES, R. F.; SILVA, M. A.; LOPES, P. S.; CARNEIRO, P. L. S.; TORRES FILHO, R. A. Efeito da Conexidade de Dados sobre a Acurácia dos Testes de Progênie e Performance. **Revista Brasileira Zootecnia**. Viçosa. v. 30, n. 2, p. 342-347, 2001.

COSTA, R. B.; LAUREANO, M. M. M.; FORNI, S.; ALBUQUERQUE, L. G. Estimativas de parâmetros genéticos para as características de perímetro escrotal, peso ao sobre ano e idade ao primeiro parto em um rebanho da raça Nelore. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga, 2004.

CYRILLO, J. N. S. G.; RAZOOK, A. G.; FIGUEIREDO, L. A.; BONILHA NETO, L. M. Estimativas de Tendências e Parâmetros Genéticos do Peso Padronizado aos 378 dias de Idade, Medidas Corporais e Perímetro Escrotal de Machos Nelore de Sertãozinho, SP. **Revista Brasileira Zootecnia**, Viçosa, v. 30, n. 1, p. 56-65, 2001.

DOMINGUEZ-VIVEROS, J.; NÚÑEZ-DOMÍNGUEZ, R.; RAMÍREZ-VALVERDE, R.; RUÍZ-FLORES, A. Evaluación Genética de variables de crecimiento em bovinos tropicarne: II. Tendencias Genéticas. **Agrociencia**, Montecillo, v. 37, n. 4, p. 337-343, 2003.

ELIAS, F. P.; FERNANDES, M. B.; QUEIROZ, L. F. M.; VILA, R. A.; GALERANI, M. A. V.; NOMELI, J.; VOZZI, P. A.; LÔBO, R. B. Diferenças na produção *in vitro* de blastocistos expandidos, blastocistos e blastocistos iniciais entre 29 touros testados. **Acta Scientiae Veterinariae**, Porto Alegre, v. 33, p. 363, 2005. Anais, 19º Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Tecnologia de Embriões, 2003, apresentado em Angra dos Reis.

ELIAS, F. P.; FERNANDES, M. B.; VILA, R. A.; GALERANI, M. A.; LÔBO, R. B. Avaliação da fertilidade *in vitro* do sêmen bovino baseada na produção de embriões com 16 a 32 células. **Acta Scientiae Veterinariae**, Porto Alegre, v. 31, p. 328, 2003. Anais, 17º Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Tecnologia de Embriões, 2003, apresentado em Beberibe

EUCLIDES FILHO, K.; SILVA L. O. C.; ALVES, R. G. O.; FIGUEIREDO, G. R. Tendência Genética na raça Gir. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 4, p. 787-791, 2000.

- FERNANDES, M. B. **Efeito do touro na sobrevivência de embriões in vitro ao congelamento**. 2003. 83f. Dissertação (Mestrado) - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto.
- FERRAZ FILHO, P. B.; RAMOS, A. A.; SILVA, L. O. C.; SOUZA, J. C.; ALENCAR, M. M.; MALHADO, C. H. M. Tendência Genética dos Efeitos Direto e Materno sobre os Pesos a Desmama e Pós-Desmama de Bovinos da Raça Tabapuã no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 31, n. 2, p. 635-640, 2002.
- FNP CONSULTORIA. **Anuário da Pecuária Brasileira (ANUALPEC)**. São Paulo: Gráfica Editora Camargo Soares, 2005. 340p.
- FREITAS, M. A. R., **Seleção em bovinos de corte - importância do teste de touros jovens**. Genética e Melhoramento na Pecuária de Corte 2. WORKSHOP EM GENÉTICA E MELHORAMENTO NA PECUARIA DE CORTE, Jaboticabal: FCAV-UNESP, 2004. CD-ROM.
- FREITAS M. A. R.; ZAMBIANCHI, A. R.; FIGUEIREDO, L. F.; CARDOSO, M. P.; SIQUEIRA, R. G.; MAGNABOSCO, C. U.; MARCONDES, C. R.; LÔBO, R. B. Impacto da Reprodução Programada nos Rebanhos do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelor. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., 2003, Santa Maria. **Anais...** Brasília, 2003.
- GARCIA, F. Q.; FERRAZ FILHO, P. B.; SOUZA, J. C.; SILVA, L. O. C. Tendência dos efeitos genéticos diretos e maternos do peso a desmama de bovinos da raça Nelore mocha na região pecuária Campo Grande e Dourados – Mato Grosso Do Sul. **Archives of Veterinary Science**, Curitiba, v. 8, n. 1, p. 93-97, 2003.
- GARNERO, A. V.; FERNANDES, M. B.; FIGUEIREDO, L. F. C.; LOBO, R. B. Influência da incorporação de dados de progênes na classificação de touro da raça Nelore. **Revista Brasileira Zootecnia**, Viçosa, v.31, n. 2, 2002. Suplemento 1.
- GAVIO, D. **Efeitos genéticos e ambientais na produção in vitro de embriões utilizando sêmen de touros jovens da raça Nelore selecionados para teste de progênie**. 2005. 90 f. Tese (Doutorado em Genética) - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 2005.
- GESU, V. D.; GIANCARLO, R.; BOSCO, G. L.; RAIMONDI, A.; SCATURRO, D. GenClust: a genetic algorithm for clustering gene expression data. **BMC Bioinformatics**, Oxford, v. 6, p. 289-310, 2005.

GOLDEN, B.L.; SNELLING, W. M.; MALLINCKRODT, C. H. **Users Guides and Reference Manual**. Fort Collins: Colorado State University, 1995. (Tech Bulletin LTB92-2).

HAIR, J. R.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L.; BLACK, W. C. **Análise Multivariada de Dados**. Tradução Adonai Schlup Sant' Anna; Anselmo Chaves Neto. 5 ed. Porto Alegre: Buckman, 2005. 593p.

HARTIGAN, J. A. **Clustering algorithms**. New York: Wiley, 1975.

HENDERSON, C. R. Estimation of changes in herd environment. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v.32, p.706-711, 1949.

HODGSON, R. R.; BELK, K. E.; SAVELL, J. W.; CROSS, H. R.; WILLIAMS, F. L. Development of a quantitative quality grading system for mature cow carcasses. **Journal of Animal Science**, Albany, v.70, p.1840-1847, 1992.

HOLANDA, M. C. R.; BARBOSA, S. B. P.; RIBEIRO, A. C.; SANTORO, K. R. Tendências Genéticas para crescimento em bovinos Nelore em Pernambuco, Brasil. **Archivos de Zootecnia**, Córdoba v. 53, p. 185-194, 2004.

JAIN, A. K.; MURTY, M. N.; FLYNN, P. J. Data clustering: a Review. **ACM Computing Surveys**, New York, v. 31, n. 3, p. 264–323. 1999.

KIRKPATRICK, M.; MEYER, K. Direct estimation of genetic principal components: simplified analysis of complex phenotypes. **Genetics**, Pittsburgh, v.168, p.2295-2306, 2004.

LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; OLIVEIRA, H. N. **Avaliação Genética de Animais Jovens, Touros e Matrizes**. Ribeirão Preto, GEMAC /FMRP/ USP, 1999. 82p.

LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; OLIVEIRA, H. N.; GARNEIRO, A. V.; SCHWENGBER, E. B.; MARCONDES, C. R. **Avaliação Genética de Animais Jovens, Touros e Matrizes**. Ribeirão Preto, GEMAC /FMRP/ USP, 2000. 90p.

LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; OLIVEIRA, H. N.; MAGNABOSCO, C. U.; REYES, A.; BERGMANN, J. A. G. **Avaliação Genética de Animais Jovens, Touros e Matrizes**. Ribeirão Preto: GEMAC /FMRP/ USP, 2001. 60p.

LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; OLIVEIRA, H. N.; MAGNABOSCO, C. U.; FREITAS M.A.R.; BERGMANN, J. A. G. **Avaliação Genética de Animais Jovens, Touros e Matrizes**. Ribeirão Preto: GEMAC /FMRP/ USP, 2002. 76p.

LOBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; OLIVEIRA, H. N.; MAGNABOSCO, C. U.; ZANBIANQUI, A. R.; ALBUQUERQUE, L. G.; BERGMANN, J. A. G.; SAINZ, R. D. **Avaliação genética de animais jovens, touros e matrizes**. Ribeirão Preto: GEMAC /FMRP/ USP, 2003. 86 p.

LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; OLIVEIRA, H. N.; MAGNABOSCO, C. U.; ZANBIANQUI, A. R.; ALBUQUERQUE, L. G.; BERGMANN, J. A. G.; SAINZ, R. D. **Avaliação Genética de Animais Jovens, Touros e Matrizes**. Ribeirão Preto, GEMAC /FMRP/ USP, 2004. 122p.

LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; OLIVEIRA, H. N.; MAGNABOSCO, C. U.; ZANBIANQUI, A. R.; ALBUQUERQUE, L. G.; BERGMANN, J. A. G.; SAINZ, R. D. **Avaliação Genética de Touros e Matrizes da Raça Nelore**. Ribeirão Preto: ANCP, 2005. 128p.

MASCIOLI, A. S.; FARO, L.; ALENCAR, M. M.; FRIES, L. A.; BARBOSA, P. F. Estimativas de Parâmetros Genéticos e Fenotípicos e Análise de Componentes Principais para Características de Crescimento na Raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.29, n.6, p. 1654-1660, 2000.

MELLO, S. P.; ALENCAR, M. M.; SILVA, L. O. C.; BARBOSA R T; BARBOSA P F. Estimativas de (Co)Variâncias e Tendências Genéticas para Pesos em um Rebanho Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 31, n. 4, p. 1707-1714, 2002.

MEZZICH, J. E., SOLOMON, H. **Taxonomy and behavioral science: comparative performance of grouping methods**. London: Academic Press, 1980.

NASSIR, L. C; FREITAS, M. A. R; SIQUEIRA, R. L. P. G.; FIGUEIREDO, L. F. C.; CARDOSO, M. C. P.; MARCONDES, C.; MAFFEI, W. E.; LOBO, R. B. Reprodução Programada como acelerador do processo genético nos rebanhos do Nelore do Brasil. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 4., 2002, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande, 2002. CD-ROM.

NOMELINI, J; VOZZI, P. A.; BEZERRA, L. A. F; ZAMBIANCHI A. R.; MAGNABOSCO C.U.; LOBO, R.B. Tendência genética do mérito genético total e da idade ao primeiro parto nos rebanhos participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore. In: REUNIÃO

ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42., 2005, Goiânia, **Anais...**, Goiânia, 2005, CD-ROM.

OLIVEIRA, H. N. Grupos de contemporâneos e conectabilidade. In: WORKSHOP SELEÇÃO EM BOVINOS DE CORTE, 5., 2003, Salvador. **Anais...**, Salvador, 2005.

PANETO, J.C.C. **Eficiência econômica da raça Nelore: critérios, respostas esperadas à seleção e valores genéticos agregados econômicos**. 2004. 91f. Tese (Doutorado em Genética) - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 2004.

PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento Genético Aplicado à Produção Animal**. 4. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ, 2004. 609p.

PÉREZ, C. **Técnicas Estadísticas con SPSS**. Madrid: Pearson Educación, 2001

PONZONI, R. W; NEWMAN, S. Developing breeding objectives for Australian beef cattle production. **Animal Production**, Edinburg, v. 49, p.35-47, 1989.

REIS, E. **Estatística Multivariada Aplicada**. 2. ed. Lisboa: Edições Sílabo, 2001.

SABATER, C. R.; ESTEBAN, P. C. A.; ISCAR, A. M.; DIEZ, A. L. Clustering to reduce regional heterogeneity: a Spanish case-study. **Journal of Population Research**, Canberra, 2004. Disponível em: <http://www.findarticles.com/p/articles/mi_m0PCG/is_1_21/ai_n6155265>. Acesso em: 15 dez. 2005.

SILVA, L. O. C., EUCLIDES FILHO, K., NOBRE, P. R. C., JOSAHKIAN, L. A. Tendência genética na raça Nelore no Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34., 1997. Juiz de Fora, **Anais...** Juiz de Fora :1997.

SMITH, C. Rates of genetic change in farm livestock. **Research Development Agricultural**, v.1, n.2, p.79-85, 1984.

STATSOFT, INC. STATISTICA (data analysis software system), version 7. São Caetano do Sul: copyrigh statsoft, 2004.

SULLIVAN, P. G; WILTON, J. W.; MILLER, S. P.; BANKS, L. R. Genetic trends and breed overlap derived from multiple-breed genetic evaluations of beef cattle for growth traits. **Journal of animal Science**, Albany, v. 77, n. 8, p. 2019-2027, 1999.

TONHATI, H.; MARCONDES, C.R.; LÔBO, R.B. Sumários e Aplicações. In: WORKSHOP SELEÇÃO EM BOVINOS DE CORTE, 5., 2003, Salvador. **Anais...**, Salvador, 2003

TRYON, R. C. **Cluster Analysis**. Ann Arbor, MI: Edwards Brothers,1939.

USHIZAWA, K.; HERATH, C. B.; KANEYAMA, K.; SHIOJIMA, S.; HIRASAWA, A.; TAKAHASHI, T.; IMAI, K.; OCHIAI, K.; TOKUNAGA, T.; TSUNODA, Y.; TSUJIMOTO, G., HASHIZUME, K. cDNA microarray analysis of bovine embryo gene expression profiles during the pre-implantation period. **Reproductive Biology Endocrinology**, v.2, n.77, 2004.

VOZZI, P.A. **Análise da estrutura e variabilidade genética dos rebanhos do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore**. 2004. 62f. Dissertação (Mestrado)-Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, 2004.

ZOLLINGER, W. A.; NIELSEN, M. K. An evaluation of bias in estimated breeding values for weaning weight in Angus beef cattle field records. II. Estimates of bias due to genetic trend. **Journal of animal Science**, Albany, v. 58, n. 3, p. 550-555, 1984.