

UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
FACULDADE DE ZOOTECNIA E ENGENHARIA DE ALIMENTOS

FERNANDO AUGUSTO CORRÊA QUEIROZ CANÇADO

**AVALIAÇÃO DE DIFERENTES MODELOS PARA ESTIMAR VALOR GENÉTICO
EM CARACTERÍSTICAS QUE COMPÕEM O ÍNDICE DE SELEÇÃO EM BOVINOS
COMPOSTOS**

Pirassununga

2022

FERNANDO AUGUSTO CORRÊA QUEIROZ CANÇADO

**AVALIAÇÃO DE DIFERENTES MODELOS PARA ESTIMAR VALOR GENÉTICO
EM CARACTERÍSTICAS QUE COMPÕEM O ÍNDICE DE SELEÇÃO EM BOVINOS
COMPOSTOS**

Versão Corrigida

Dissertação apresentada à Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Mestre em Ciência do Programa de Pós-graduação em Zootecnia.

Área de Concentração: Qualidade e Produtividade Animal

Orientador: Prof. Dr. Joanir Pereira Eler

Co-orientador: Prof. Dr. Rafael Espigolan

Pirassununga

2022

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

C215a Cançado, Fernando Augusto Corrêa Queiroz
Avaliação de diferentes modelos para estimar
valor genético em características que compõem o
índice de seleção em bovinos compostos / Fernando
Augusto Corrêa Queiroz Cançado ; orientador Joanir
Pereira Eler ; coorientador Rafael Espigolan. --
Pirassununga, 2022.
50 f.

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

1. Melhoramento. 2. Montana. 3. BLUP. 4.
Bioestatística. 5. VG. I. Eler, Joanir Pereira,
orient. II. Espigolan, Rafael, coorient. III.
Título.

CERTIFICADO DE DISPENSA DE ANÁLISE ÉTICA

Comunicamos que o projeto de pesquisa abaixo identificado está dispensado da análise ética no uso de animais por se tratar da utilização de banco de dados genético comercial, conforme declaração do coordenador da pesquisa, emitida em 11/7/2022.

Ressaltamos que quaisquer atividades previstas na [Lei nº 11.794/2008](#) devem ser submetidas à análise desta CEUA conforme disposto pelo Conselho Nacional de Controle de Experimentação Animal (CONCEA).

Projeto: "AVALIAÇÃO DE DIFERENTES MODELOS PARA ESTIMAR VALOR GENÉTICO EM CARACTERÍSTICAS QUE COMPÕEM O ÍNDICE DE SELEÇÃO EM BOVINOS COMPOSTOS"

Finalidade: Pesquisa Acadêmica – Dissertação de Mestrado

Pesquisador: Fernando Augusto Corrêa Queiroz Cançado

Orientador: Prof. Dr. Joanir Pereira Eler

Instituição: Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos

Pirassununga, 12 de julho de 2022.



Profa. Dra. Luciane Silva Martello

Presidente da Comissão de Ética no Uso de Animais

(1 fev/22 – 31 jan/24)

FICHA DE APROVAÇÃO

Candidato: Fernando Augusto Corrêa Queiroz Cançado

Título da Dissertação: Avaliação De Diferentes Modelos Para Estimar Valor Genético Em Características Que Compõem O Índice De Seleção Em Bovinos Compostos.

Orientador: Prof. Dr. Joanir Pereira Eler.

Co-orientador: Prof. Dr. Rafael Espigolan.

A comissão julgadora dos trabalhos de Defesa da **Dissertação de Mestrado**, em sessão pública realizada no dia 05 de setembro de 2022.

(X) Aprovado

() Reprovado

Examinador: Assinatura:
Nome: Dr. Luís Telo da Gama
Instituição: Universidade de Lisboa

Examinador: Assinatura:
Nome: Dr. Marcos Vinicius Gualberto Barbosa da Silva
Instituição: Embrapa Gado de Leite

Presidente: Assinatura:
Nome: Dr. Rafael Espigolan
Instituição: Universidade de São Paulo

DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho, primeiramente, ao meu querido e saudoso pai, **Patinho** (*In memoriam*).

Ao **Dinho**, que sempre me inspirou. À minha mãe, **Valéria**, que desde cedo me cobrou responsabilidade. Ao meu irmão **Marreco**, que sempre me deu ótimas ideias. Ao meu **tio Flávio**, que sempre teve uma ótima visão. Ao meu irmão **Dudu**, que sempre trouxe alegria e me lembra de ser mais forte. Ao meu sobrinho **Marco Antônio**, que me mostrou que podemos ser relevantes para quem amamos. Também às pessoas que viveram comigo em Pirassununga, aprendi pelo menos um pouco com cada um. E por último, mas não menos importante, meus avós, **Tute** (*in memoriam*) e **Dêga**, que me criaram e deram educação e valores.

AGRADECIMENTOS

Agradeço ao **professor Joanir**;

Ao **professor Bento**;

À **Elisângela**;

Ao **professor Heidge**;

Ao **professor Miguel**;

Ao **professor Rafael**;

Aos colegas **Guilherme, Francisco, Felipe, Evandro, Bárbara, João Vitor, Marco**

Antônio, Gabriel e Sher;

À **FZEA**;

Aos meus colegas do **GMAB**;

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de
Pessoal de Nível Superior – Brasil (**CAPES**) – Código de financiamento 001;

Aos meus amigos **Victor, Rúbens, Caio, Ailton, Sarah** e o pessoal do **São Lefer**.

RESUMO

Raças compostas são importantes para o desenvolvimento da pecuária brasileira e do melhoramento genético. Os compostos apresentam, no entanto, uma certa complexidade para avaliar os animais e prever o mérito genético dos animais e também nas decisões de acasalamento. Foram avaliados 3 modelos estatísticos diferentes para lidar com as informações do Composto Montana Tropical® através dos softwares da família BLUPF90 em 5 características de crescimento do animal e reprodutivo. Os modelos estatísticos foram do mais simples, considerando uma raça pura, até o mais complexo com informações de tipo biológico do animal e da mãe. As características são: peso à desmama, peso ao sobreano, ganho de peso pós-desmama, perímetro escrotal e musculabilidade. Este último modelo apresentou resultados mais conservadores para a predição dos VGs. As estimativas apresentaram o mesmo comportamento para todas as características avaliadas pelas correlações de VG. Os valores de índice e ranking dos modelos foram correlacionados através da correlação de Pearson, de Spearman e erro quadrático médio, demonstrando resultados muito parecidos entre os modelos. No final foi encontrado erro de classificação de 1,9% dos animais certificados entre os modelos, logo essas diferenças não causam grande impacto no resultado final do melhoramento genético da raça porque os melhores animais continuam sendo selecionados independentemente do método utilizado para estimar seu valor genético. E o uso de modelos mais simples para compostos já estabelecidos se faz interessante por facilitar análises futuras.

ABSTRACT

Composite breeds are important for the development of Brazilian livestock and genetic improvement. The compounds, however, present a certain complexity to evaluate the animals and predict the genetic merit of the animals and also in the mating decisions. Three different statistical models were evaluated to deal with information from the Montana Tropical® Compound through the BLUPF90 family software on 5 animal growth and reproductive characteristics. The statistical models ranged from the simplest, considering a pure breed, to the most complex with information on the biological type of the animal and the mother. The characteristics are: weaning weight, yearling weight, post-weaning weight gain, scrotal circumference and muscularity. This last model presented more conservative results for the prediction of EBVs. The estimates show the same behavior for all EBV correlation characteristics. The index and ranking values of the models were correlated through Pearson's correlation, Spearman's correlation and mean square error, showing very similar results between the models. In the end, a classification error of 1.9% of the certified animals between the models was found, so these differences do not have a great impact on the final result of the genetic improvement of the breed because the best animals continue to be selected regardless of the method used to estimate their genetic value. And the use of simpler models for already established synthetic races is interesting because it facilitates future analyses.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 – Ilustração de Touro Montana Tropical ®, autoria própria	15
Figura 2 - Correlação de Pearson entre os fenótipos (A), VGs estimados pelo M1 (B), VGs estimados por M2 (C) e os VGs estimados por M3 (D).	29
Figura 3 – Heatmaps de Comparações de Modelos, através de (A) Correlação de Pearson; (B) Erro Quadrático Médio; (C) Correlação de Spearman	30
Figura 4 – Comparação de ranking dos animais para cada modelo utilizado para prever. (A) M1 e M2; (B) M1 e M3; (C) M2 e M3.	31
Figura 5 – Comparação de valores de Índice dos animais para cada modelo utilizado para prever. (A) M1 e M2; (B) M1 e M3; (C) M2 e M3.	32
Figura 6 – PCA com as informações dos animais incluídas em M3.	33
Figura 7 – PCA com as informações dos animais incluídas em M3.	34
Figura 8 – PCA com as informações dos animais incluídas em M3.	35
Figura 9 - Comparação do ranking de Índice dos animais Montana Tropical® para cada modelo utilizado para prever. (A) M1 e M2; (B) M1 e M3; (C) M2 e M3.....	36
Figura 10 - Comparação de valores de Índice dos animais Montana Tropical® para cada modelo utilizado para prever. (A) M1 e M2; (B) M1 e M3; (C) M2 e M3.....	37
Figure 11 - Heatmap da taxa de engano de classificação de animais CEIP entre os Modelos.....	37

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Descrição da população do banco de dados do Montana Tropical®	21
Tabela 2 - Estatística descritiva dos fenótipos dos animais para estimar os componentes de variância.....	22
Tabela 3 - Componentes de variância das características em cada modelo	27
Tabela 4 - Acurácia dos componentes de variâncias em cada modelo por característica	28

LISTA DE EQUAÇÕES

1	Progresso Genético.....	17
2	Heterozigose	18
3	Recombinação	19
4	BLUP	19
5	BLUP variação	19
6	M1	22
7	M2	23
8	M3	23
9	Índice Montana.....	24
10	Pearson	24
11	Spearman.....	24
12	Erro Quadrático Médio	25
13	BIF.....	25
14	PEV	25
15	Δ Convergência.....	25

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	12
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	14
3. MATERIAL E MÉTODOS	21
4. RESULTADOS	27
5. DISCUSSÃO.....	38
6. CONCLUSÃO	43
REFERÊNCIAS.....	44

1. INTRODUÇÃO

O melhoramento genético de bovinos de corte brasileiros é fundamental para todo o mercado da carne a nível nacional e mundial. Desse modo, é considerável conhecer o material genético disponível para a evolução genética dos rebanhos. Existem diversas raças disponíveis, tanto puras quanto compostas. Os compostos são importantes para o desenvolvimento da pecuária brasileira e representam um marco no melhoramento (PICCOLI et al., 2020), principalmente devido ao clima nacional não ser o ideal para animais de raças taurinas e os animais zebuínos terem menores índices produtivos (EDEA et al., 2018). Os compostos, são oriundos do cruzamento de raças de origens diferentes, aproveitam características benéficas e complementares das raças parentais. Além da complementaridade das características também há o efeito da heterose, que é o desempenho superior da prole à média das raças parentais, que se dá pelo efeito genético epistático e de dominância proporcionado pelo alinhamento de cromossomos evolutivamente distantes (DALTRO et al., 2021; GREGORY; CUNDIFF; KOCH, 1999; WAKCHAURE et al., 2015; WRIGHT, 1931). Esse alinhamento de cromossomos distantes pode também levar a formação de um *quiasma* que desencadeia um efeito de formação de novos cromossomos através da recombinação genética (CARROLL, 2013; MATHER, 1938), o que pode resultar em novos alelos em desequilíbrio de ligação com genes e proteínas de raças distintas dentro de uma nova população.

Um novo composto se consolida pelo agregado de um *pool* genético de interesse, em busca de eliminar os alelos menos interessantes de uma população e aumentar a frequência daqueles alelos novos com impacto bioeconômicos no sistema de produção almejado (DICKERSON, 1970, 1973; HARRIS, 1970). Um desses compostos que possui uma relevância alta no rebanho brasileiro é o Composto Montana Tropical[®], formado pelo cruzamento de 4 tipos biológicos distintos (ELER, 2017a; FERRAZ; ELER; GOLDEN, 1999a). Sendo eles: N, para animais zebuínos, A, para animais taurinos adaptados ao clima dos trópicos, B, para taurinos de raças britânicas e C, para taurinos de raças continentais. Para ser considerado Montana Tropical o animal precisa ter no mínimo 3 raças, ter no

máximo 6/16 de composição do tipo biológico zebuína e no mínimo 2/16 de composição de animais adaptados (MONTANA, 2022). Portanto, diante de raças puras, combinações e tipos genéticos que compõe o Montana Tropical®, contatou-se a necessidade de avaliar a inclusão dos parâmetros nos modelos de avaliação genética dos animais compostos.

Desse modo, este trabalho teve como objetivo avaliar o impacto das informações de tipo biológico, heterozigosidade e recombinação gênica individual e materna na avaliação genética dos indivíduos por meio de 3 modelos estatísticos distintos, sendo eles um modelo raça pura (**M1**), um modelo com o tipo biológico (NABC) individual e a heterozigosidade individual e materna (**M2**) e o modelo completo com a tipo biológico, heterozigosidade e recombinação individual e materna (**M3**) para características de crescimento e reprodutivas exploradas no índice de seleção do Composto Montana Tropical.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 O Mercado da pecuária bovina nacional: O rebanho bovino nacional é o maior do mundo e consiste em aproximadamente 220 milhões de cabeças (IBGE, 2022) e o PIB da pecuária de corte brasileira representou 10% do PIB nacional em 2020 com R\$ 747,05 bilhões com 41,5 milhões de animais abatidos e um peso médio de carcaça de 248,67 kg resultando em 9,7 milhões de Toneladas equivalentes em carcaça (TEC), foi destinado 74% da produção para o mercado interno e 26% para o mercado externo (ABIEC, 2022). O Brasil é o terceiro maior consumidor de carne bovina do mundo atrás dos EUA e China e responsável pela produção de aproximadamente 14,4% da carne bovina mundial (FAO, 2021).

Destes 220 milhões de animais, estima-se que 80% são animais com genética zebuína (ANTONIO JOSAHKIAN, 2000; FERRAZ; FELÍCIO, 2010), e são animais que possuem uma resistência maior às condições ambientais do Brasil (HANSEN, 2004; ROCHA PASSOS et al., 2014) Porém, apesar dessa resistência, estes animais possuem uma menor capacidade produtiva em comparação aos de raças taurinas, e uma inferior qualidade de carcaça (BRESSAN et al., 2016; CROUSE et al., 1989; DE SOUZA RODRIGUES et al., 2017; GRIGOLETTO et al., 2020) . Sendo estes últimos adaptados a climas mais amenos e com menor resistência a estresse biótico e abiótico (EDEA et al., 2018). Desse modo, faz-se necessário o uso de animais cruzados ou raças compostas no sistema de produção brasileiro para equilibrar o dilema de resistência x produtividade dos animais (PICCOLI et al., 2020)

2.2 Composto Montana Tropical®: Dentre as raças compostas de gado de corte, uma das que mais se destacam é o composto Montana Tropical®, fruto de um programa de melhoramento iniciado em 1994 ilustrado na figura 1. Este é um animal com boa intensidade de seleção e melhoramento, demonstrando uma evolução progressiva nos últimos 10 anos em peso a desmama, habilidade materna, ganho de peso, musculatura, musculabilidade e qualidade na produção de carne. Ele é composto pela complementaridade de 4 tipos biológicos distintos que formam o sistema **NABC** (FERRAZ; ELER; GOLDEN, 1999b; MONTANA, 2022)



Figura 1 – Ilustração de Touro Montana Tropical ®, autoria própria

N, para a porção genética de zebuínos, constituído principalmente por vacas de raça nelore. Importante para contribuir com alta rusticidade, resistência a parasitas e estresse climático;

A, para os animais taurinos adaptados aos trópicos, como representantes das raças Senepol, Bonsmara, Caracu, dentre outros. Contribui com sua adaptabilidade ao clima tropical, fertilidade e características qualidade de carne;

B, para taurinos de origem britânica, como Aberdeen Angus e Red Angus, Hereford, South Devon, dentre outros. Contribui com precocidade sexual, qualidade de carcaça e crescimento;

C, para raças oriundas da europa continental. Com exemplos das raças Simental, Pardo-Suiço, Carolesa, Limousin, dentre outros. Essas raças possuem ótima qualidade de carcaça e potencial de crescimento com a desvantagem de serem animais mais tardios.

Um sistema de cruzamentos deve levar em consideração estimativas confiáveis de estimativa de parâmetros bioeconômicos (DICKERSON, 1970, 1973; HARRIS, 1970) e em animais compostos devem ser levados em consideração o nível de heterozigosidade retida e o nível de recombinação para evitar perdas de capacidade

produtiva (SILVA, 2021 apud BOURNDON, 1999). Portanto, animais cruzados e compostos são mais eficientes economicamente quando comparados com os animais de raça pura (DALTRO et al., 2021; MÄKI-TANILA, 2007). Porém, a avaliação dos animais de raças compostas é relativamente mais complicada que de animais de raças puras devido aos efeitos genéticos não-aditivos que devem ser levados em consideração (ELZO; FAMULA, 1985), pois haverá mais interações genéticas intra loci e entre loci (ELZO; FAMULA, 1985; SYRSTAD, 1985). O sistema de cruzamentos do Montana Tropical[®] faz uso dos resultados de diversos programas de melhoramento em distintas raças por inclusão de novos materiais genéticos e da complementaridade e heterozigidade entre esses. E, a comercialização e classificação dos animais Montana Tropical[®] é baseada principalmente pelo índice Montana Tropical[®], que é o índice de seleção com os pesos de 20% para a DEP de peso a desmama (**WW**), 20% para ganho de peso pós desmama (**PWG**), 30% para peso ao sobreano (**YW**), 10% para perímetro escrotal (**SC**) e 20% para musculabilidade (**MUS**).

2.3 Valor Genético: Para se desenvolver um sistema de melhoramento animal deve-se buscar fazer o registro zootécnico dos animais para conhecer suas características, pedigree e prever o valor genético aditivo (VG) deles e então selecionar os melhores animais naquele sistema de produção para serem os pais da próxima geração. A visão holística de todo o sistema de produção e cadeia mercadológica atrelada ao mercado de proteína animal é fundamental para auxiliar as tomadas de decisão no programa de melhoramento (DICKERSON, 1973). Pois, a principal função de um programa de melhoramento é a redução de custo de produção dentro dos sistemas de produção e aumento do lucro líquido de produção acompanhando a evolução e tendências do mercado, desse modo, a viabilidade econômica do programa deve ser diretamente relacionada aos resultados obtidos e esperados (DICKERSON, 1970, 1973; HARRIS, 1970). E, através do VG é possível calcular a diferença esperada da progênie (*DEP*) desses animais, que é uma ferramenta muito útil em sistemas de seleção animal principalmente em raças puras.

2.4 Progresso Genético: O progresso genético é uma forma de se avaliar o impacto do melhoramento genético em determinada população e este é um dos

conceitos chaves para todo o melhoramento. Ele é avaliado pela equação seguinte (ELER, 2017b)

$$\Delta G_j = \frac{i * r_{IA} * \sqrt{h^2} * \sigma_{P_j}}{L}$$

1

i é a intensidade de seleção daquela população para a $j^{\text{ésima}}$ característica, r_{IA} é a acurácia da predição do valor genético, h^2 é a herdabilidade da característica, σ_{P_j} é o desvio-padrão fenotípico da característica, L o intervalo de gerações e ΔG o progresso genético.

2.5 Certificado Especial de Identificação e Produção: O CEIP, criado em 1995 pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento partir da publicação da portaria 267 e atualizado pela normativa nº 12, de 2 de fevereiro de 2018, é uma certificação emitida para animais que possuem comprovado potencial de melhoramento genético dentro do programa em que estão sendo avaliados, de acordo com as diretrizes do ministério sobre Produção Animal (MAPA, 2017). No início de um programa de melhoramento genético o certificado é emitido apenas para 20% dos animais, conforme o melhoramento da raça é comprovado, essa taxa evolui ao ano até o limite de 30%. Atualmente, o programa Montana Tropical utiliza a taxa de 27,33% da safra para animais de ambos os sexos.

2.6 Heterozigidade: A heterozigidade mede a proporção de loci heterozigotos no indivíduo. Está é diretamente correlacionada ao efeito da heterose. A heterose é um efeito observado além do ganho genético aditivo quando um indivíduo filho de pais de diferentes raças ou linhagens manifesta desempenho superior à média dos indivíduos parentais (SØRENSEN et al., 2008). Ela se manifesta quando há o pareamento de cromossomos distantes evolutivamente, possibilitando uma maior diversidade bioquímica dentro dos indivíduos resultando na manifestação de características marcantes de ambos parentais e maiores interações gênicas devido a uma maior heterozigidade no indivíduo (DALTRO et al., 2021; ELER, 2017a), que pode causar efeitos epistáticos (LUSH, 2015) ou de dominância (GREGORY; CUNDIFF; KOCH, 1999; KIPPERT et al., 2008). De acordo com

Dickerson (1973), o efeito da heterose pode ser interpretado como a correção do efeito de depressão endogâmica que ocorre dentro de uma raça ou linhagem. Resumidamente, quão maior é a distância genética das raças parentais, maior será o efeito da heterose observada. E, diversos estudos demonstraram que a diferença entre raças se dá principalmente em características de interesse bioeconômicos (GREGORY et al., 1994; GREGORY; CUNDIFF, 1980) o que torna a complementaridade entre raças um grande atrativo para os cruzamentos e compostos. Portanto, este é o principal efeito buscado a ser maximizado dentro de um sistema de cruzamento ou em uma raça composta. O efeito de cruzamento contínuo já levava a um ganho de peso de bezerro desmamado por vaca de 20% em 1980 (GREGORY; CUNDIFF, 1980) Já as raças compostas têm a capacidade de reter mais heterose individual e materna em todos os cruzamentos, porém estas raças estão sujeitas ao maior efeito de recombinação (DICKERSON, 1973). O efeito da heterozigose é descrita por Eler (2017):

$$H_0 = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n r_i r_j H_{ij} F_1$$

Em que, H_0 é a heterozigose total, n é o número de raças, r_i é a proporção do i -ésimo tipo biológico paterno, r_j é a proporção do j -ésimo tipo biológico materno e $H_{ij} F_1$ é a heterose do F1 para os cruzamentos i e j .

2.7 Recombinação Genética: Ao se misturar muitos cromossomos de origens diferentes, os organismos passam a misturá-los e formar novos cromossomos homólogos no fenômeno do crossing over que pode ocorrer nas células gaméticas e transferir para a próxima geração a recombinação genética (CARROLL, 2013; MATHER, 1938). O que é um efeito economicamente ruim a curto prazo, por trazer perdas na capacidade produtiva de certas características em diversas espécies de interesse comercial (DALTRO et al., 2021; MADALENA et al., 1990; NEMES et al., 2014), porém esta perda de produção é justificável ao se avaliar no longo prazo que ela permite um aumento da variabilidade genética dentro da população sem a inserção de novos indivíduos (BATTAGIN et al., 2016; GORJANC et al., 2017). Evitando dessa forma resultados indesejáveis como o efeito

Bulmer (BULMER, 1971), que ocorre ao se focar em uma gigantesca propagação de material genético dos poucos touros superiores, reduzindo o tamanho efetivo da população (SHEN et al., 2018) e aumentando a endogamia. O efeito Bulmer é o platô do melhoramento que ocorre quando a intensidade de seleção para uma característica é tão forte que acaba com a variabilidade genética daquela característica na população, tornando impossível o melhoramento por falta de cromossomos diferentes para a seleção (BULMER, 1971). A recombinação é calculada da seguinte maneira (ELER, 2017a)

$$r_i = \frac{1}{2} (r_d + r_s)$$

Em que, r_i é a proporção do efeito de recombinação na progênie, r_s é a probabilidade de produção de gametas recombinantes pelo macho e r_d pela fêmea. 3

2.8 BLUP: O Melhor Preditor Linear Não-Viesado é um modelo linear misto utilizado para se estimar o valor genético dos animais (HENDERSON, 1975a). Modelos lineares mistos são equação que ponderam efeitos fixos e aleatórios ao mesmo tempo. O BLUP modelo animal é expresso em notação matricial da seguinte forma:

$$Y = X\beta + Zu + e$$

Sendo Y o vetor de fenótipos observados; β é o vetor de efeitos fixos, aquilo que é controlável e registrável durante a produção dos dados; u é o vetor de efeito aleatório, aquilo que não é controlável mas se conhece a fonte de aleatoriedade, ou seja, efeito genético aditivo; e vetor de efeitos residuais aleatórios, aquilo que não é controlável e não se conhece a fonte, ou seja, o erro experimental; X e Z são as matrizes de incidência dos efeitos β e u , respectivamente. 4

Com suas variações como para os efeitos afetados pelo efeito materno e o ambiente permanente:

$$Y = X\beta + Zu + Wm + Spe + e$$

5

Sendo Y , β , u , e , X e Z os mesmos já citados, m é o vetor do efeito materno, pe é o vetor de efeito ambiental permanente, W e S são as matrizes de incidências dos efeitos citados, respectivamente (MRODE, 2014).

2.9 Família BLUPF90: Os programas da família BLUPF90 foram construídos para estimarem valores genéticos genômicos com facilidade através do modelo misto animal de único-passo, com ferramentas inclusas para renumerar os dados e fazer o controle de qualidade (RENUMF90), estimar os componentes de variância por meio de máxima verossimilhança restrita (REMLF90, AIREMLF90), e por meio de amostragem de Gibbs (GIBBSxF90, THRGIBBSxF90, POSTGIBBSF90), estimar os valores genéticos (VG) dos animais através de modelo misto animal e único-passo (BLUPF90), tratar informações genóticas e extrair suas soluções (PREGSF90, POSTGSF90, PREDF90) (MISZTAL et al., 2002)

2.10 Características avaliadas:

- a) Peso à desmama (WW):** É a medida do peso do animal em Kg à desmama, com média de 210 dias de vida (7 meses).
- b) Ganho de peso pós desmama (PWG):** É a medida do ganho de peso do animal em Kg da desmama até a próxima pesagem aos 14 meses de idade.
- c) Peso aos 12 meses (YW):** É a medida do ganho de peso em animal em Kg aos 14 meses de idade em média 420 dias de vida.
- d) Perímetro Escrotal (SC):** É a medida de perímetro medial do saco escrotal dos animais aos 14 meses.
- e) Musculosidade (MUS):** É a medida do escore visual de musculosidade do animal, medido também aos 14 meses.

3. MATERIAL E MÉTODOS

Animais e dados fenotípicos

Os bancos de dados fazem parte do programa de melhoramento genético de bovinos compostos Montana Tropical® e estão sob responsabilidade do Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia (GMAB) da Universidade de São Paulo. Os animais foram criados em diversas fazendas localizadas em várias regiões do Brasil e também no Uruguai e Paraguai. O banco de dados usado para estimar os componentes de variância deste trabalho foi dividido por característica estudada e tipo genético. Foram considerados os seguintes tipos e suas descrições: animais puros-sangues, aqueles com mais de 90% de tipo biológico em questão, os animais F1, foram aqueles que apresentaram 50/50 para os tipos biológicos, os animais Montana Tropical®, foram considerados apenas os que atendiam aos critérios de inclusão do programa Montana Tropical (MONTANA TROPICAL, 2022), os demais animais cruzados que não atendiam aos critérios de inclusão foram chamados de “Outros”. Seus respectivos números de animais com informações das características de crescimento estão descritos abaixo na tabela 1.

Tabela 1 - Descrição da população do banco de dados do Montana Tropical®

Tipo	Critério	n WW	n YW	n PWG	n SC	n MUS	n Total
Puro	N>=90%	21.692	1.254	1.229	486	655	21.911
	A>=90%	2.002	1.125	1.114	240	887	2.262
	B>=90%	4.178	1.498	1.375	372	671	4.324
	C>=90%	6	2	2	0	2	6
F1	N=50%; A=50%	2.827	972	915	242	720	2.894
	N=50%; B=50%	42.947	14.191	13.614	2.220	12.208	43.724
	N=50%; C=50%	6.180	1.561	1.403	190	1.145	6.362
	A=50%; B=50%	923	500	495	226	265	936
	A=50%; C=50%	13	9	9	3	8	13
	B=50%; C=50%	118	39	34	13	24	123
Montana Tropical	N+A>=12.5%; N<=37.5%; B+C<=75%	234.125	115.651	114.003	49.030	104.942	242.161
Outros	Outras composições	71.981	16.343	15.825	4.563	14.035	73.233

TOTAL 386.992 153.145 150.018 57.585 135.562 397.949

Tipo mostra a classificação genética dos animais; Critério mostra o critério utilizado para definir o Tipo; n (característica) mostra o número de fenótipo dentro de cada tipo biológico por características; WW, YW, PWG, SC e MUS referem-se às características Peso ao Desmame, Peso ao Sobreano, Ganho de Peso pós-desmame, Perímetro Escrotal e Musculosidade, respectivamente; N, A, B, e C representa a composição do tipo biológico dos animais.

Na tabela 2 estão são apresentadas as estatísticas descritivas para os fenótipos, contendo o número de informações, a média, o mínimo, o máximo e a variância, além do número de grupos contemporâneos considerados nas análises.

Tabela 2 - Estatística descritiva dos fenótipos dos animais para estimar os componentes de variância

Característica	N	μ	min	max	σ²	CG
WW	267.229	197	80	313	1.528	3.886
YW	146.121	270	105	605	3.148	1.743
PWG	141.663	75	-61	517	2.054	1.718
MUS	131.628	4	1	6	1,3	1.536
SC	54.488	28	16	41	18	837

Característica refere-se a qual das características avaliadas, WW, YW, PWG, MUS e SC, que são peso ao desmame, peso ao sobreano, ganho de peso pós-desmame, musculosidade e perímetro escrotal; N é o número de animais utilizados para estimar o componente de variância; μ, min e max são a média, mínimo e máximo dos valores dos fenótipos; e CG são o número de grupos contemporâneos utilizados.

Modelos de predição

Nesse trabalho foram utilizados 3 modelos diferentes para avaliação dos animais. Esses modelos foram desenvolvidos pelo Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia para avaliação genética dos animais do Composto Montana Tropical® aplicados comercialmente desde o início do programa. Os modelos também foram divididos em 3 tipos principais:

Modelo Simples (M1), com uso do Grupo Contemporâneo, Idade a medida, Idade da mãe linear e quadrática e o efeito aleatório animal.

$$Y_{ijd} = GC_{ij} + \beta_1 age_{ij} + \beta_2 age_d + \beta_3 age_d^2, \\ + u_i + d_i + pe_d + e_{ijd}$$

Modelo Incompleto (M2), com uso do *modelo simples* e a adição das covariáveis de tipos biológicos do indivíduo junto das heterozigose individual e materna.

$$\begin{aligned}
Y_{ijd} = & GC_{ij} + \beta_1 age_{ij} + \beta_2 age_d + \beta_3 age_d^2, \\
& + \beta_4 N_i + \beta_5 A_i + \beta_6 B_i + \beta_7 C_i + \beta_8 h_i + \beta_9 h_d, \\
& + u_i + d_i + pe_d + e_{ijd}
\end{aligned}$$

7

Modelo Completo (M3), com uso do *modelo incompleto* e a adição das covariáveis de tipos biológicos da mãe junto das recombinações individual e materno.

$$\begin{aligned}
Y_{ijd} = & GC_{ij} + \beta_1 age_{ij} + \beta_2 age_d + \beta_3 age_d^2, \\
& + \beta_4 N_i + \beta_5 A_i + \beta_6 B_i + \beta_7 C_i + \beta_8 N_d + \beta_9 A_d + \beta_{10} B_d + \beta_{11} C_d, \\
& + \beta_{12} h_i + \beta_{13} h_d + \beta_{14} r_i + \beta_{15} r_d, \\
& + u_i + d_i + pe_d + e_{ijd}
\end{aligned}$$

8

Onde Y_{ijd} é a observação do animal i para a características j , filho da mãe d . GC_{ij} é o grupo contemporâneo do animal i para a características j . β_n é o coeficiente de regressão para as covariáveis do modelo. age_{ij} é a idade do animal i na medida da característica j . age_d é a idade da vaca no parto. age_d^2 é a idade da vaca quadrática. $N_i, A_i, B_i, C_i, N_d, A_d, B_d$ e C_d são o nível de tipos biológicos Montana Tropical® do indivíduo i e sua mãe d . h_i e h_d são os coeficientes de heterozigosidade do indivíduo i e sua mãe d . r_i e r_d são os coeficientes de recombinação do indivíduo i e sua mãe d . d_i é o efeito materno. pe_d é o efeito de ambiente materno permanente. u_i representa o efeito genético aleatório aditivo do i -ésimo animal. e_{ijd} representa os termos residuais aleatórios.

Para a estimação dos componentes de variância e valores genéticos através destes modelos foi aplicado o BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) em modelo animal utilizando o algoritmo AIREML para estimar os componentes por meio dos programas que pertencentes à família BLUPF90 (MASUDA, 2019; MISZTAL et al., 2002) em modelos unicaracterísticos. Os procedimentos foram executados na seguinte ordem: RENUMF90, para renumerar as informações, AIREMLF90 para estimar os componentes de (co)variância e herdabilidades através do algoritmo de informação média da máxima verossimilhança restrita (AIREML) (GILMOUR; THOMPSON; CULLIS, 1995; JOHNSON; THOMPSON, 1995; RESENDE; SILVA;

AZEVEDO, 2014) e por fim, BLUPF90 para gerar as soluções VG e as acurácias BIF.

Comparação dos modelos:

Após a predição dos valores genéticos dos animais utilizando todos os tipos biológicos, primeiro foi analisado os dados completos e então foram selecionados apenas os animais Montana Tropical® para se comparar os modelos e a taxa CEIP com o valor de 27,33%. Então, fez-se uso da comparação entre os ranqueamentos e valores preditos organizados dentro do Índice Montana por meio das técnicas de correlação de Pearson (PEARSON, 1909), Spearman (WISSELER, 1905) e o Erro Quadrático Médio (MSE) (SCHLUCHTER, 2005) e a acurácia BIF (Beef Improvement Federation) da predição de valor genético:

Índice Montana Tropical®

$$I_i = 0,2 * DEP_{WW_i} + 0,2 * DEP_{PWG_i} + 0,3 * DEP_{YW_i} + 0,1 * DEP_{SC_i} + 0,2 * DEP_{MUS_i}$$

9

Onde I_i é o valor do Índice Montana Tropical do indivíduo i , $DEP_{[característica]_i}$ é o valor da DEP do animal i para a característica avaliada, **WW**, **PWG**, **YW**, **SC** e **MUS**.

Correlação de Pearson

$$r_{xy} = \frac{\sigma_{x,y}}{\sigma_x \sigma_y}$$

10

Onde r_{xy} é o valor da correlação entre os dados x e y , que são os valores de VGs estimados por modelos diferentes. σ_{xy} é a covariância de x e y . σ_x e σ_y são os valores de desvio-padrão de x e y , respectivamente.

Correlação de Ranking de Spearman

$$\rho_{xy} = \frac{\sigma_{Rx,Ry}}{\sigma_{Rx} \sigma_{Ry}}$$

11

24

Onde ρ_{xy} é o valor da correlação entre os dados R_x e R_y , que são as posições de ranking das estimativas nos modelos x e y . σ_{R_x, R_y} é a covariância de R_x e R_y . σ_{R_x} e σ_{R_y} são os valores de desvio-padrão da posição de ranking x e y , respectivamente.

Erro Quadrático Médio (MSE) da predição

$$MSE = \frac{\sum (y_i - \hat{y}_i)^2}{n}$$

12

Onde MSE é o erro quadrático médio, y_i é o valor de um modelo de y , \hat{y}_i é o valor de outro modelo de y para o animal i e n é o número de observações.

Acurácia BIF

$$BIF = 1 - \sqrt{\frac{PEV}{\sigma_A^2}}$$

13

$$PEV = var(\hat{A} - A)$$

14

BIF é a acurácia desenvolvida pela *Beef Improvement Federation*, σ_A^2 é a variância genética aditiva, PEV é a variância do erro da predição, A é o valor genético observado e \hat{A} é o valor genético predito (HENDERSON, 1975).

Δ Convergência

$$\Delta = \frac{\sum i |\theta_i - \theta_i^*|}{n}$$

15

Onde Δ é o índice de convergência delta utilizado para avaliar a eficiência do modelo. Quanto menor seu valor maior a convergência entre as iterações. θ_i é a estimativa atual do i -ésimo componente de variância e θ_i^* é a estimativa anterior do i -ésimo componente de variância. n é o número de componentes de (co)variância únicos. Esse indicador representa a média absoluta das mudanças através das

25

estimativas e ele é programado para parar os processos interativos quando alcança valores próximos a $\sqrt{10^{-12}}$.

Análise dos Dados

A análise dos resultados e plotagem dos gráficos foram executados com utilização do software R (R CORE TEAM, 2018) por meio do motor gráfico RStudio (ALLAIRE, 2011) e utilizando as bibliotecas readxl, dplyr, ggplot2 (WICKHAM, 2016), gplots, kableExtra, ggpubr, psych, ggfortify, caret (KUHN, 2008). Para realizar O PCA (análise de componentes principais) foi empregado todas as informações utilizadas para construir o M3, ou seja, idade da vaca linear e quadrática, tipos biológicos, heterozigosidade e recombinação individual e materno, junto dos 5 fenótipos analisados com suas idades de coleta. Totalizando 23 variáveis. Os dados fenotípicos faltantes nessas variáveis foram imputados utilizando o algoritmo de Machine Learning KNN utilizando $k=20$ (ALTMAN, 1992)

4. RESULTADOS

Os resultados das estimativas dos componentes de variância são observados na Tabela 4, mostrados do modelo mais simples (M1), ao mais complexo (M3), passando pelo intermediário (M2). Observa-se que a variância genética aditiva (σ_a^2) e variância do efeito materno (σ_m^2) reduzem conforme se aumenta a complexidade do modelo para todas as características, exceto para SC. Por consequência, a herdabilidade direta (h_a^2) segue o mesmo padrão supracitado. Por outro lado, é possível observar que a variância do ambiente permanente (σ_{pe}^2) e variância residual (σ_e^2) aumentam de acordo com a complexidade do modelo utilizado. Também é nítido que a covariância entre os efeitos direto e materno diminui de M1 a M3.

Tabela 3 - Componentes de variância das características em cada modelo

Característica	Modelo	σ_a^2	σ_m^2	σ_{pe}^2	σ_e^2	h_a^2	\pm	SD	σ_{am}
Peso ao Desmame	M1	147,01	86,64	78,45	374,76	0,21	\pm	0,0084	-52,63
	M2	136,66	74,77	82,66	380,29	0,2	\pm	0,0084	-46,82
	M3	121,73	60,94	85,58	388,74	0,19	\pm	0,0083	-34,06
Peso ao Sobreano	M1	222,65	66,63	6,20	519,52	0,27	\pm	0,0116	-34,90
	M2	207,38	48,56	13,81	527,89	0,26	\pm	0,0116	-25,40
	M3	188,82	34,27	16,66	537,39	0,24	\pm	0,0114	-10,05
Ganho de peso pós-desmame	M1	105,03	46,74	7,17	452,76	0,17	\pm	0,0094	-54,68
	M2	91,86	39,66	7,40	459,21	0,15	\pm	0,0093	-44,63
	M3	73,93	24,72	10,42	469,56	0,13	\pm	0,0087	-28,92
Musculosidade	M1	0,11	-----	-----	0,58	0,16	\pm	0,0069	-----
	M2	0,11	-----	-----	0,58	0,15	\pm	0,0069	-----
	M3	0,10	-----	-----	0,59	0,15	\pm	0,0068	-----
Perímetro Escrotal	M1	2,36	-----	-----	6,78	0,26	\pm	0,0157	-----
	M2	2,42	-----	-----	6,75	0,26	\pm	0,0157	-----
	M3	2,43	-----	-----	6,78	0,26	\pm	0,0156	-----

$\sigma_{(a,m,pe,e)}^2$ são as variâncias genética aditiva, efeito materno, ambiente permanente materno e residual; h_a^2 é a herdabilidade direta; **SD** é o desvio padrão da herdabilidade; σ_{am} é a covariância do efeito genético aditivo e materno. **M1**, **M2** e **M3**, são os três modelos.

Os componentes de variância estimados podem ter um poder explicativo melhor quando olhamos as acurácias desses modelos presentes na Tabela 5. A acurácia

BIF é uma medida conservadora de quão acurada está a estimativa. Podemos observar que a média e a variância das acurácias não mudaram significativamente de um modelo para o outro. O mesmo pode ser observado no AIC que seus resultados por modelo foram bem similares. Já o índice Δ de convergência demonstrou melhores resultados variados entre os modelos, sendo os melhores modelos para os traços WW, YW, PWG, MUS e SC foram M2, M3, M3, M2, e M3, e os piores modelos M3, M2, M2, M3 e M2, respectivamente. A eficiência de cada modelo também foi avaliada pelo número de rounds necessários para a estimativa dos resultados. Sendo os modelos que precisaram de menos rounds M1, M2, M3, M1 e precisaram do mesmo número de rounds M1 e M2, e os que precisaram de mais rounds foram os modelos M3, M3, M1, empate entre M2 e M3, e por fim o M3, para as características WW, YW, PWG, MUS e SC, respectivamente.

Tabela 4 - Acurácia dos componentes de variâncias em cada modelo por característica

Característica	Modelo	μ BIF	σ^2 BIF	AIC	Δ convergência	Número de rounds
Peso ao Desmame	M1	0,17	0,0029	1,60E+06	3,65E-05	17
	M2	0,17	0,0029	1,60E+06	3,03E-05	27
	M3	0,16	0,0029	1,60E+06	4,69E-05	37
Peso ao Sobreano	M1	0,22	0,0023	8,58E+05	3,24E-05	16
	M2	0,22	0,0023	8,57E+05	3,60E-05	15
	M3	0,22	0,0023	8,57E+05	1,59E-05	21
Ganho de peso pós-desmame	M1	0,15	0,0025	7,89E+05	1,38E-05	17
	M2	0,15	0,0025	7,88E+05	9,04E-06	16
	M3	0,14	0,0025	7,88E+05	3,52E-06	15
Musculosidade	M1	0,19	0,0026	3,23E+05	4,24E-07	16
	M2	0,18	0,0026	3,23E+05	2,57E-07	17
	M3	0,18	0,0026	3,23E+05	5,91E-07	17
Perímetro Escrotal	M1	0,21	0,0025	2,74E+05	8,04E-07	6
	M2	0,21	0,0025	2,73E+05	1,30E-06	6
	M3	0,21	0,0025	2,73E+05	4,03E-08	7

(μ , σ^2) BIF é a média e a variância da acurácia BIF; AIC é o Critério de Informação de Akaike; Δ convergência é um índice de convergência utilizado pelo AIREML; Número de rounds são a quantidade de rounds necessários em cada modelo para alcançar a convergência.

A figura 2 é dividida em 4 partes, sendo elas A, B, C e D, cada um referente a uma correlação de pearson, sendo fenotípica (A) e o VG estimado pelos modelos M1 (B), M2 (C) e M3 (D). Pode-se observar que todos os valores estimados seguem o mesmo padrão dos valores fenotípicos dos animais, porém, com valores diferentes entre si. E da maior correlação a menor, já citada, ficou da seguinte forma: para Fenótipo e M1, $r(YW, PWG)$ com correlação de 0,74 e 0,67, já M2 e M3, $r(YW, WW)$ teve a maior correlação com valores de 0,65 a 0,64. Já as próximas correlações tiveram a mesma ordem entre os modelos e fenótipos que foram $r(YW, MUS)$, $r(WW, MUS)$, para todos valores estimados a próxima é $r(YW, SC)$ com 0,38 a 0,41 e para o fenótipo, $r(WW, SC)$ com 0,3, valor similar aos estimados. Para o fenótipo, M1 e M3, a próxima correlação foi de $r(MUS, PWG)$ variado de 0,25 a 0,37, enquanto que para M2 foi $r(SC, MUS)$ com 0,29 e para os outros modelos foi de 0,08 pra fenótipo e 0,28 a 0,31 pros modelos. E por fim $r(SC, PWG)$ e $r(WW, PWG)$ variando de 0,1 a 0,22 e 0,05 a 0,18, sendo as menores correlações.

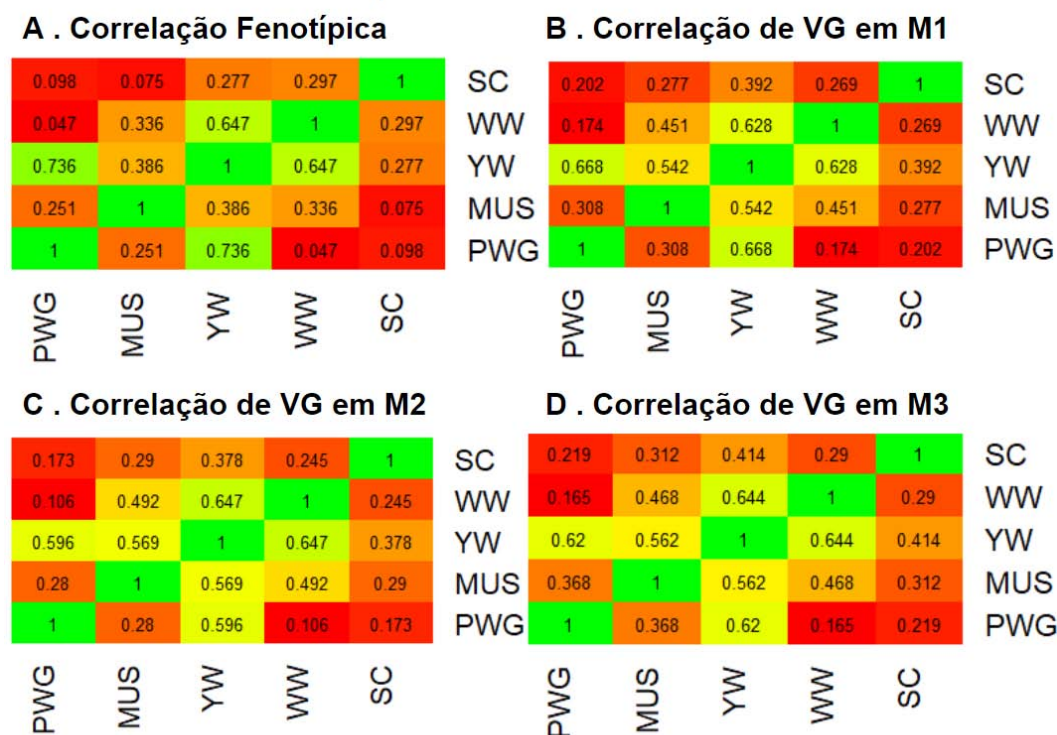


Figura 2 - Correlação de Pearson entre os fenótipos (A), VGs estimados pelo M1 (B), VGs estimados por M2 (C) e os VGs estimados por M3 (D).

Ao comparar os resultados das estimações de valores genéticos de cada modelo através de Pearson, Spearman e MSE entre todos os animais do banco de dados, respectivamente, foi nítido que as comparações entre M1 e M2 apresentam baixíssima diferença. Na pior correlação direta de Pearson e na correlação ordinária de Spearman observou-se o índice de 0,98 para a característica YW, o que também pode ser notado como maior MSE entre esses modelos conforme a figura 2 A, B e C. A maior diferença entre modelos observada foi de M1 com M3, sendo a menor correlação observada de Pearson e Spearman de 0,88 em PWG. Também é importante ressaltar que as estimativas dos traços MUS e SC não apresentaram grandes diferenças entre os modelos propostos nesta análise. De acordo com as correlações o efeito mais discrepante da estimativa foi o PWG, porém, avaliado-se através do MSE o efeito mais diferente foi YW

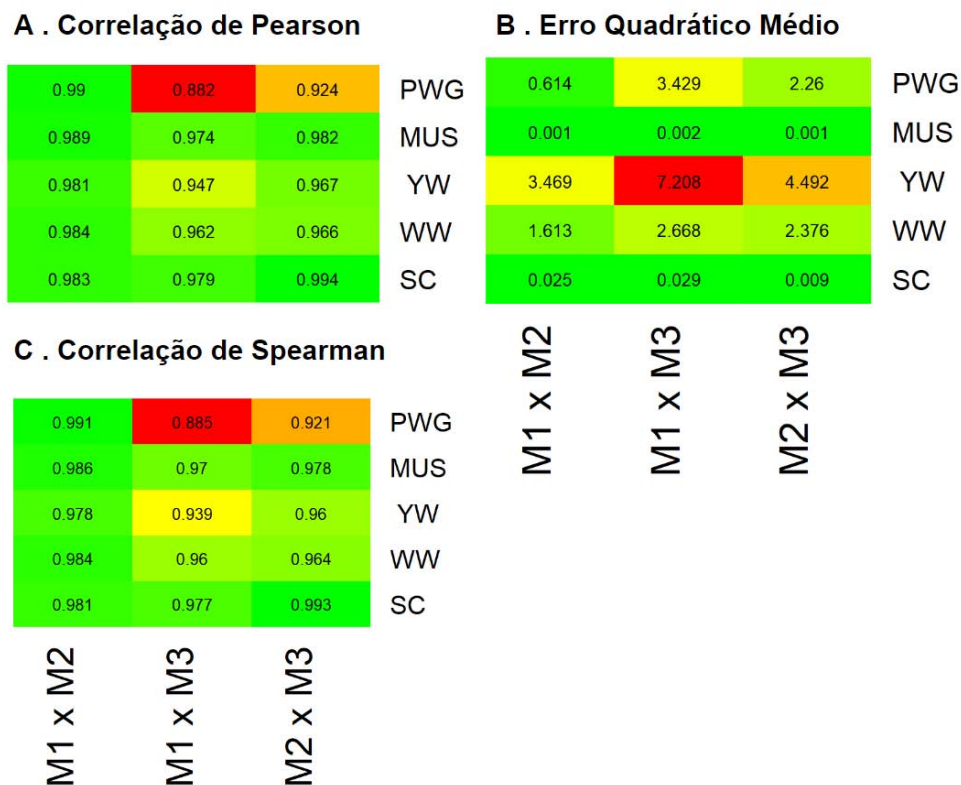


Figura 3 – Heatmaps de Comparações de Modelos, através de (A) Correlação de Pearson; (B) Erro Quadrático Médio; (C) Correlação de Spearman

Após avaliar os índices de comparação de modelo supracitados foi necessário entender visualmente o que está acontecendo com essa população explorando o ranqueamento dos animais por meio do índice Montana, resultados apresentados na Figura 4, que nos apresenta a correlação de ranking entre os modelos visualmente pelo tipo genético, e o valor do Índice Montana dos animais na figura 5. Os modelos estão nas figuras organizados de forma que no eixo X fica o modelo mais simples da comparação e no eixo Y o modelo mais complexo. Os melhores animais estão posicionados na região superiores a direita e os piores na região inferior a esquerda. Pode ser observado que os animais F1 são superestimados pelos modelos mais simples. Os animais Montana Tropical® tiveram seus resultados variando entre os modelos, porém os melhores animais foram os mesmos independente da forma de predizer seus valores genéticos, conforme a figura 5 apresenta.

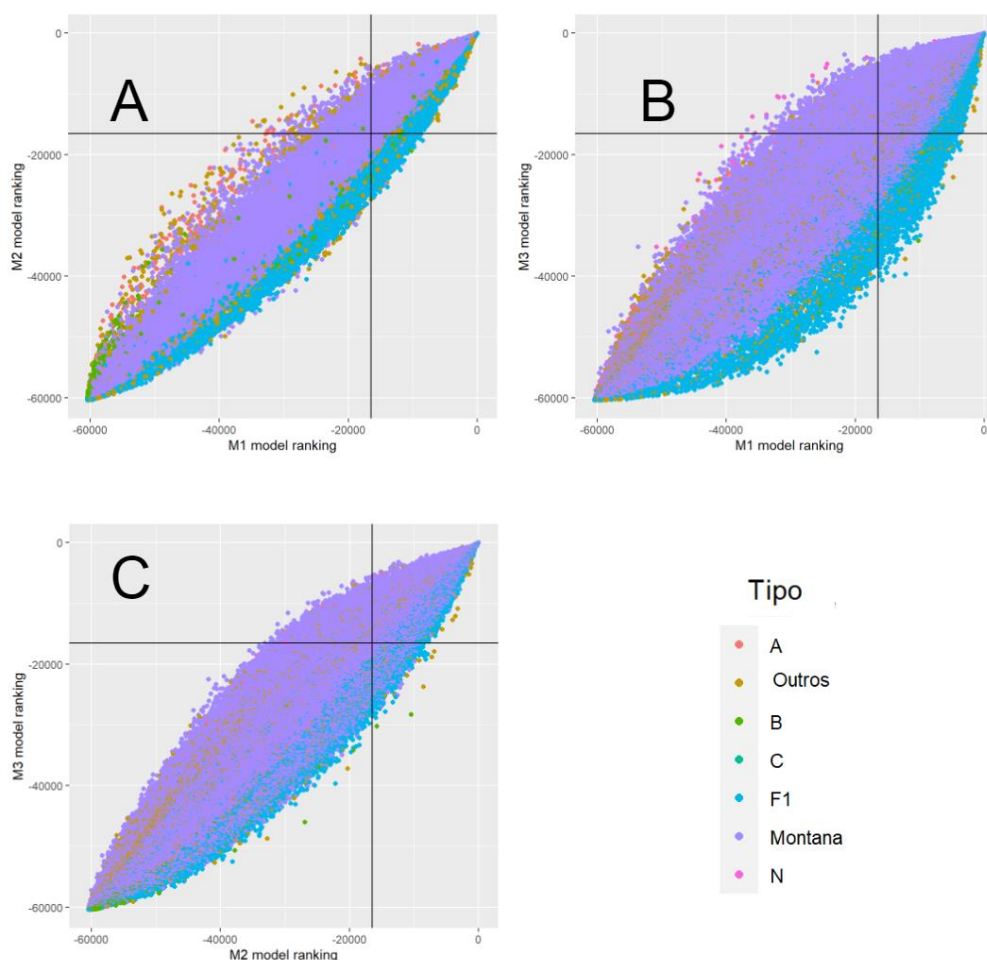


Figura 4 – Comparação de ranking dos animais para cada modelo utilizado para predizer. (A) M1 e M2; (B) M1 e M3; (C) M2 e M3.

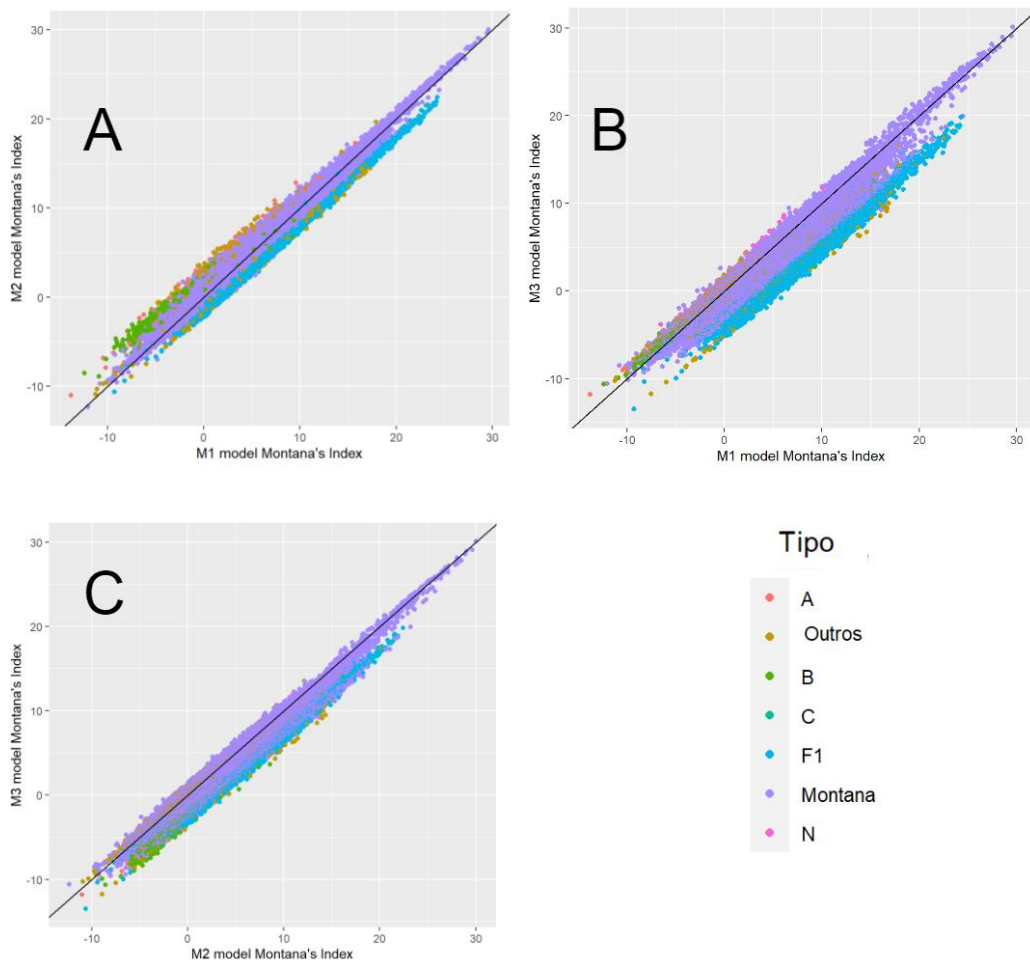


Figura 5 – Comparação de valores de Índice dos animais para cada modelo utilizado para prever. (A) M1 e M2; (B) M1 e M3; (C) M2 e M3.

Quanto aos efeitos maternos de cada modelo, estão dispostos nas próximas duas figuras em correlação de ranking (figura 6) e correlação direta dos valores dentro do índice (figura 7). Esta foi a estimativa que teve menor linearidade encontrada, sendo que os animais do tipo N tiveram os melhores resultados em todos os modelos e os animais do tipo Montana[®] o pior. Também cabe ressaltar que os modelos mais complexos entregaram melhores resultados aos animais Montana e os modelos mais simples priorizaram os outros tipos de animais.

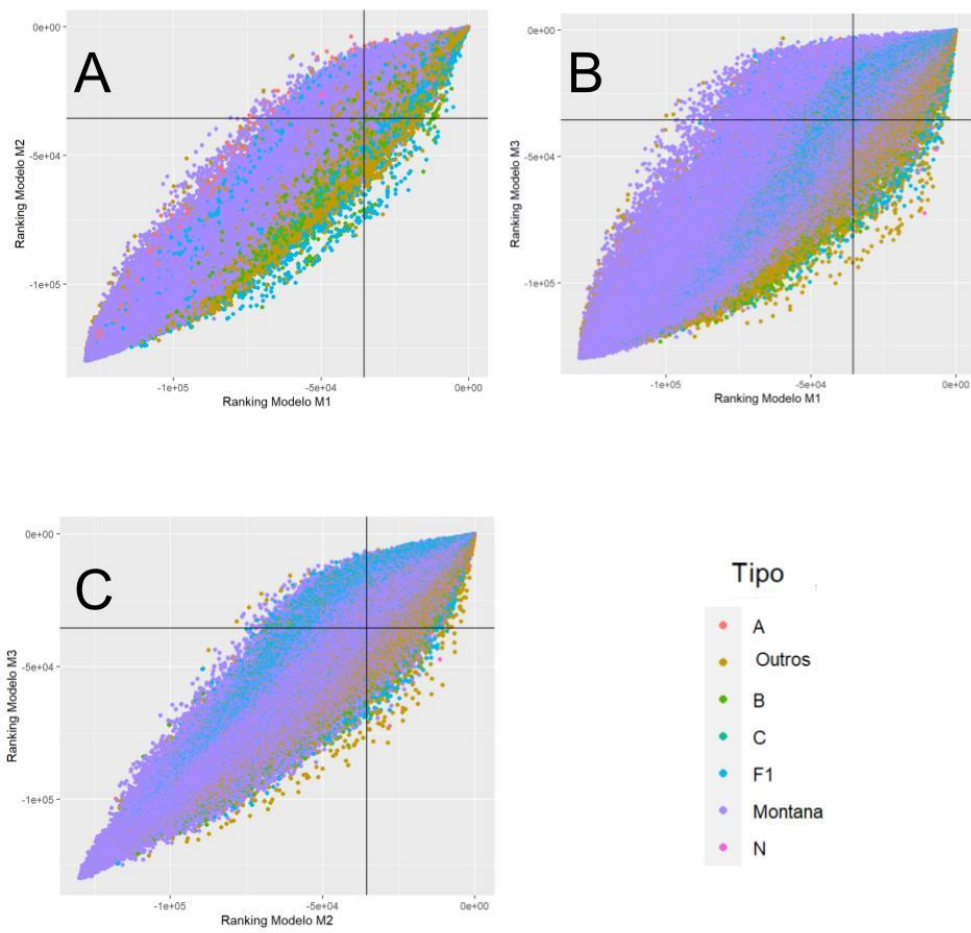


Figura 6 – PCA com as informações dos animais incluídas em M3.

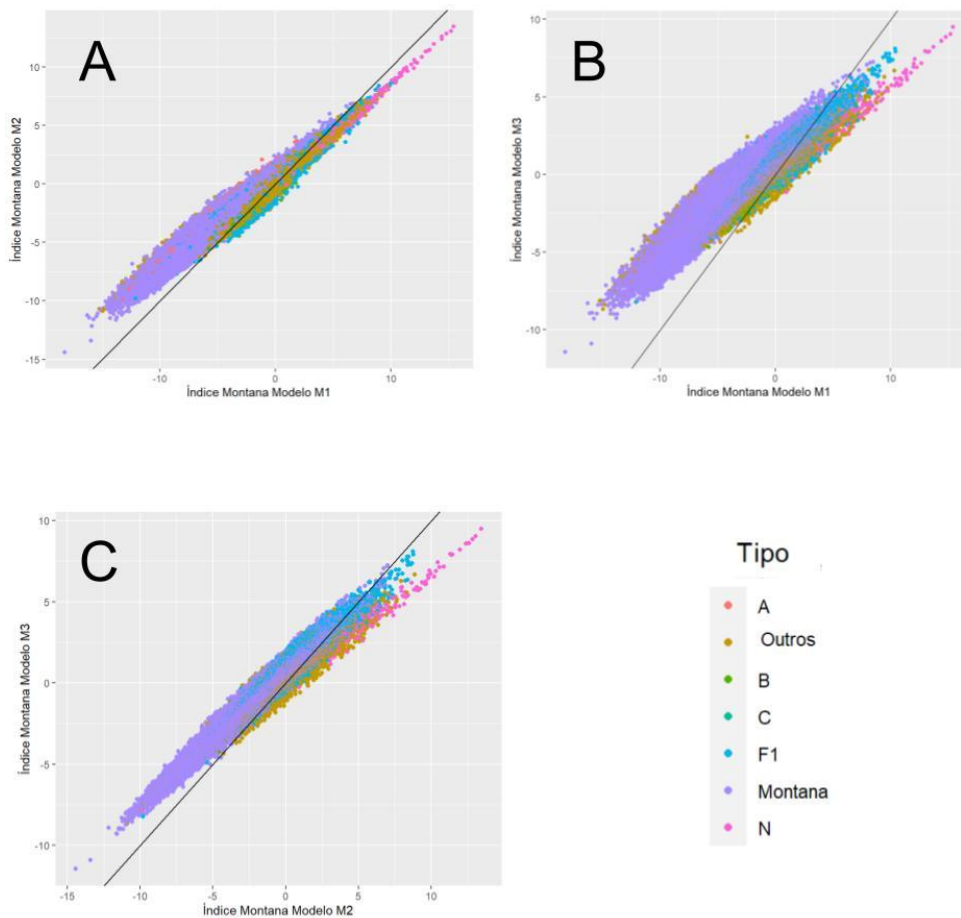


Figura 7 – PCA com as informações dos animais incluídas em M3.

Foi observado nos últimos resultados um comportamento distinto para alguns tipos biológico destacado então para ver este comportamento foi realizado uma análise de principais componentes (PCA) com todas as informações incluídas no modelo completo, M3. Nela podemos observar que há distinção dos grupos de animais e clusterização de seus semelhantes. Porém, estes componentes representam juntos apenas 35,55% da variação observada.

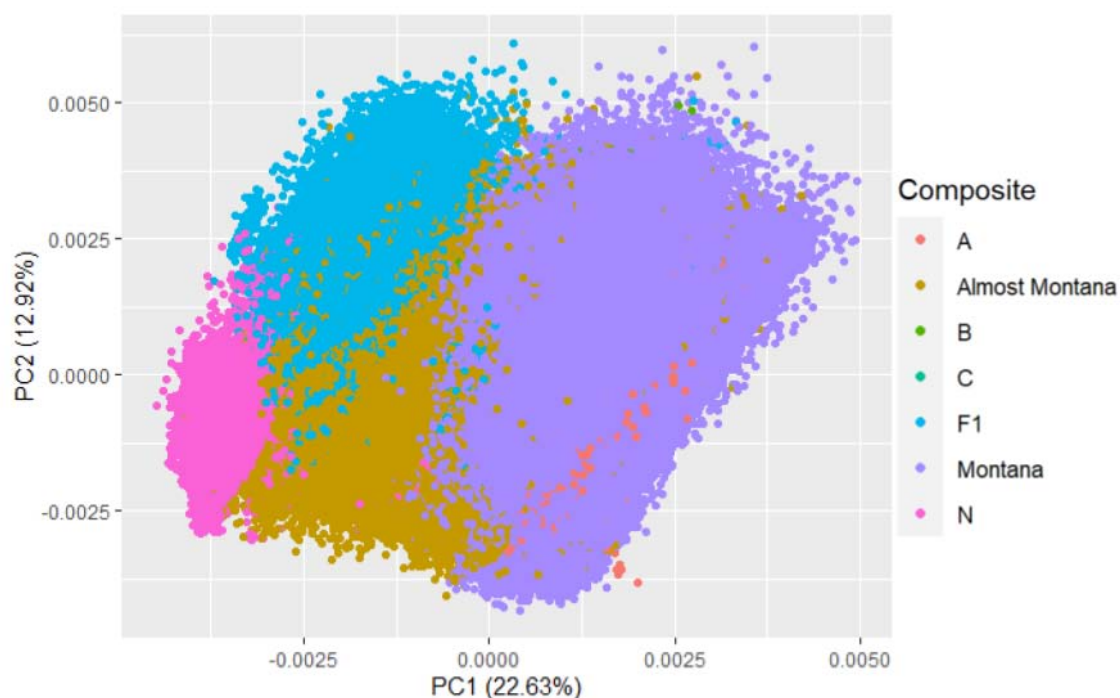


Figura 8 – PCA com as informações dos animais incluídas em M3.

Ao observar que os animais tinham uma distinção tanto como a composição genética ou como responderam diferente aos modelos estatísticos aplicados decidimos observar o comportamento apenas dos animais Montana Tropical®, então realizamos as mesmas análises anteriores apenas para os animais Montana Tropical® e os animais dos 27,33% melhores VGs conforme apresentado pelas figuras 7, 8 e 9. Os gráficos estão conforme os anteriores, modelo mais simples no eixo x e mais complexo no eixo y. Na figura 7, estão representados e comparados os rankings que os animais Montana teriam ao serem preditos com cada um dos modelos no índice Montana. Os animais em vermelho, chamados CEIP, são os top 27,33% animais do banco em concordância entre os modelos testados. Os animais em verde, chamados de Enganos, são os animais que foram classificados em um modelo mas não foram no outro. E os animais em azul, chamados de Inferiores, são aqueles que são classificados como inferiores em ambos modelos. Na figura 8, vemos os resultados da comparação do valor de Índice Montana resultado da predição de cada modelo testado. Os dados demonstram que mesmo havendo uma parcela de engano, todos os animais classificados como os melhores em ambos modelos representam mais de 50% da amplitude do valor genético dos animais e os top 1 animais seguem em ordem parecida. Já a figura 9, é um heatmap com a taxa

que demonstra a quantidade de animais foram classificados enganados para cada uma das características avaliadas dos animais Montana Tropical®, para o banco completo, chamado de global, e o erro do CEIP. Podemos ver o maior erro em WW nos modelos M2 e M3 de 7,8%, seguido por M1 e M3, e PWG de M1 e M3. E o erro de classificação dos animais CEIP foi de 0,9% para M1 e M2, 1,3% para M2 e M3 e de 1,8% para M1 e M3.

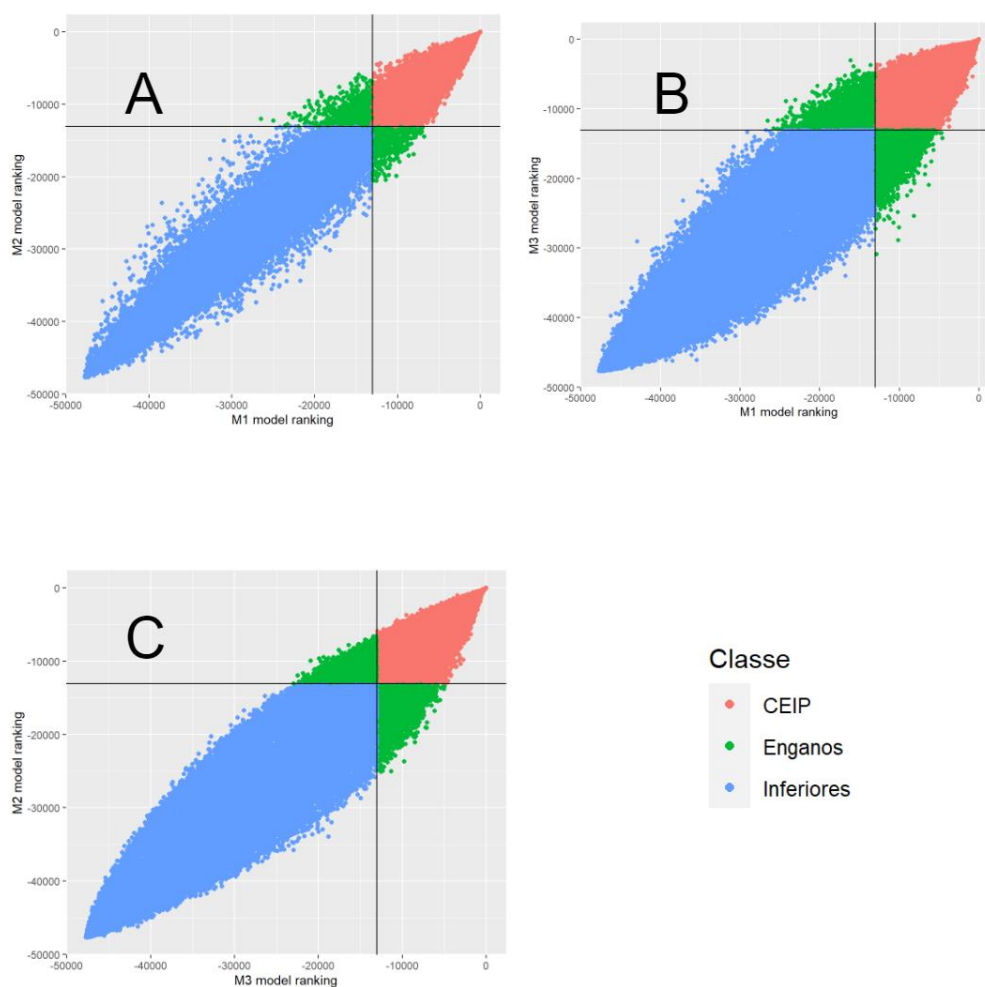


Figura 9 - Comparação do ranking de Índice dos animais Montana Tropical® para cada modelo utilizado para predizer. (A) M1 e M2; (B) M1 e M3; (C) M2 e M3.

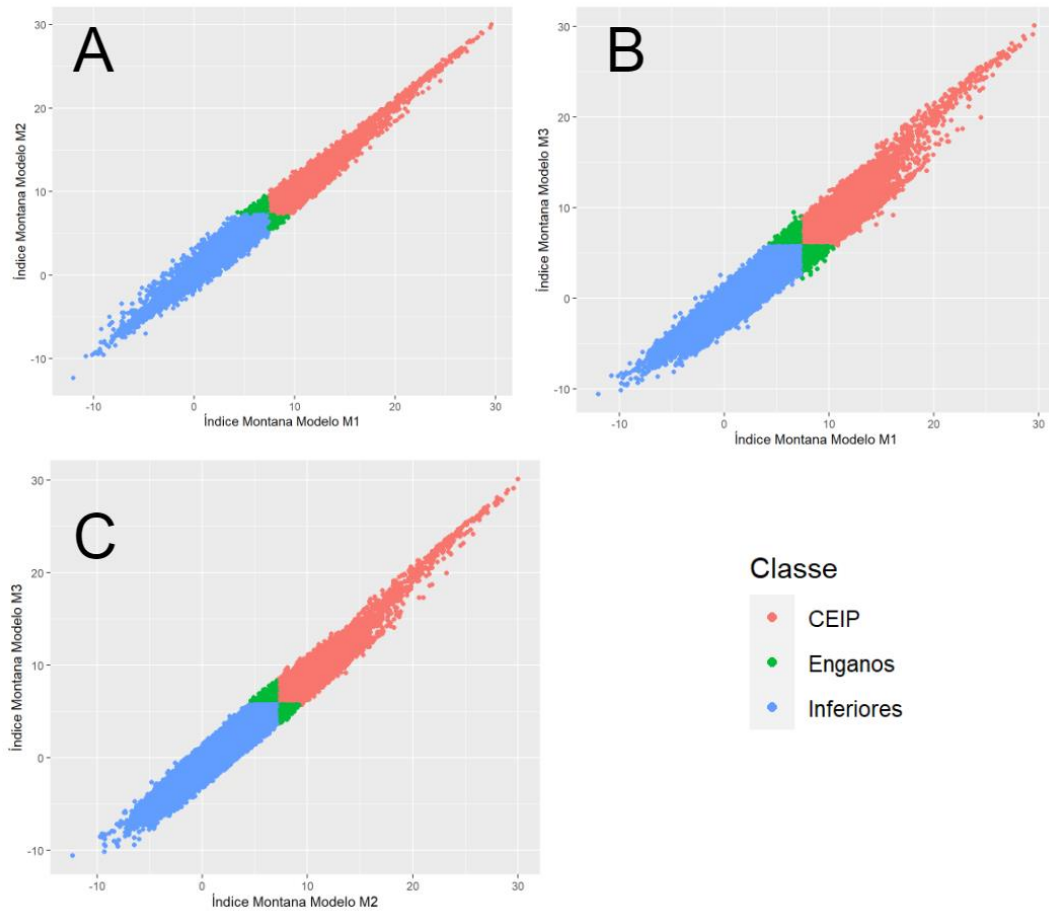


Figura 10 - Comparação de valores de Índice dos animais Montana Tropical® para cada modelo utilizado para predizer. (A) M1 e M2; (B) M1 e M3; (C) M2 e M3.

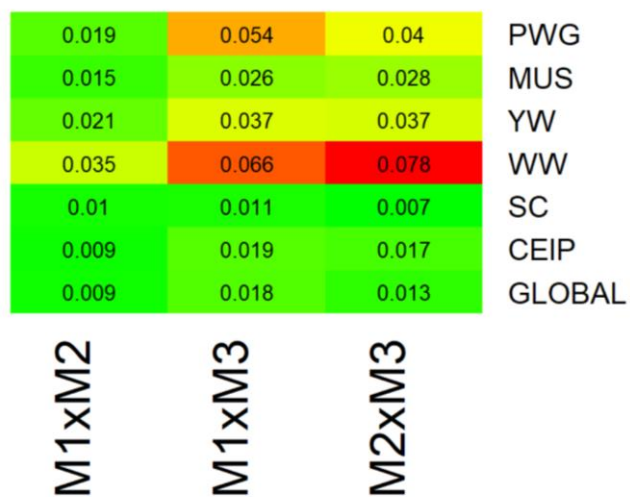


Figure 11 - Heatmap da taxa de engano de classificação de animais CEIP entre os Modelos

5. DISCUSSÃO

As estimativas de componentes de variância dos valores genéticos e herdabilidade dos animais foram estimados com valores coerentes aos encontrados na literatura. Os componentes aditivos para WW foram inferior ao de Grigoletto (2019) e muito próximos dos encontrados por Mourão (2007), Silva (2020) e Gregory, Cundiff e Koch (1995a, 1995b, 1995c). A variância do efeito materno variou bastante entre os trabalhos, mas a variância residual e herdabilidade foi bem consistente entre os trabalhos comparados (GRIGOLETTO et al., 2019; MONTANA, 2022; MOURÃO et al., 2007; SANTANA et al., 2014a; SILVA, 2021). Os componentes aditivos para YW na literatura variaram de 172 a 252, sendo que apenas um trabalho considerou o efeito materno (MOURÃO et al., 2007) e obteve o mesmo resultado na herdabilidade, já os demais trabalhos demonstraram herdabilidade maior que 0,3 (GRIGOLETTO et al., 2019; MONTANA, 2022; MOURÃO et al., 2007; SANTANA et al., 2013; SILVA, 2021). Os componentes de variância genética aditiva estimada para PWG do nosso trabalho foi o maior e variância de efeito materno também, porém, as herdabilidades variaram de 0,09 a 0,17 na literatura (GRIGOLETTO et al., 2019; MONTANA, 2022; MOURÃO et al., 2007; SANTANA et al., 2013, 2014b; SILVA, 2021). Os resultados para os componentes estimados em MUS foram bem estáveis pela literatura com o componente genético aditivo de 0,1 e herdabilidade em volta de 0,16 nos trabalhos encontrados (MONTANA, 2022; MOURÃO et al., 2007; SANTANA et al., 2014b). E, para perímetro escrotal, a variância genética aditiva encontrada foi bem estável na literatura e a herdabilidade variável de 0,22 a 0,3 (MONTANA, 2022; MOURÃO et al., 2007; SANTANA et al., 2013, 2014b). Em comparação aos dados do sumário para as 5 características nós obtivemos a seguinte comparação, herdabilidade menor para WW, herdabilidade menor para YW, herdabilidade maior para PWG, herdabilidade menor para MUS e herdabilidade igual para SC. Podemos observar que a complexidade do modelo é diretamente proporcional ao aumento de σ_e^2 e σ_{pe}^2 e é inversamente proporcional para σ_a^2 e σ_{am} o que sugere que os valores estimados pelo modelo mais complexo têm uma estimativa mais conservadora dos valores de VGs. As predições para os fenótipos

de score, MUS e SC praticamente não sofreram influência da adição das covariáveis no modelo.

Quando observamos os índices de acurácia utilizados para avaliar a estimativa desses modelos temos o índice BIF, AIC(AKAIKE, 1974), índice Δ de convergência (MASUDA, 2019) e o número de rounds. Observamos resultados idênticos para BIF e AIC nos diferentes modelos para cada um dos traços, o que significa que no geral os resultados foram muito próximos entre os modelos e que todos os modelos tiveram resultados muito similares. O modelo M3 faz melhores convergências porque faz um maior número de iterações matemáticas para estimar os componentes de variância, consequência do número de covariáveis que estão associadas, resultando em um maior número de rounds necessários.

Também avaliamos as correlações intra modelo e entre modelos. Durante a avaliação intra modelo das correlações dos VGs estimados e os fenótipos dos animais para cada característica. Nessa correlação desses animais as estimativas de VG apresentaram o mesmo padrão entre os modelos, podendo variar em até 0,08 no máximo entre as características, que significa que todas as características responderam aos diferentes modelos da mesma forma, porém, esse padrão se diferencia dos resultados encontrados no fenótipo, o que pode dizer que algumas características podem ter acabado sendo mais valorizada ou desvalorizada dependendo do efeito ambiental, este que acaba sofrendo uma correção ao se avaliar pelas soluções do modelo animal. A comparação entre modelos foi construída seguindo três análises diferentes, a correlação direta de Pearson, a correlação ordinária de Spearman e o Erro Quadrático Médio das predições, sendo que a convergência ou divergência desses resultados pode demonstrar a aplicabilidade e eficiência no uso desses modelos, conforme Rezende e colaboradores (2012) onde podemos observar que nas três análises, apesar de seguirem uma escala diferente, têm a mesma tendência de variação, exceto para a estimativa de YW, que o MSE indica ter uma maior discrepância entre os 3 modelos, já nas correlações é a segunda maior seguindo o PWG, o que provavelmente se dá devido a sua variância fenotípica ser a maior entre todas as características. O PWG é o que possui a menor correlação entre os modelos, provavelmente devido associada muito ao efeito ambiental do manejo de recria dos animais. em todas

comparações os melhores resultados foram de MUS e SC, onde não houve muita influência a adição das novas covariáveis, logo a estimação single-trait dessas características com qualquer modelo gera um resultado com no mínimo 97% de correlação ordinária.

A estrutura dos tipos biológicos da população no banco de dados pode ser vista nas figuras 4,5 e 6 marcada pelos tipos que representa os indivíduos. Na figura 4 e 5 podemos ver que os melhores animais são Montana Tropical seguidos pelos F1, que aparentemente são superestimados por modelos mais simples, e de composições mistas, porém, estes mesmos grupos também estão presentes dentre os piores animais do banco. O que significa que o índice Montana Tropical® seleciona os melhores animais, não apesar aqueles Montana Tropical®. Na figura 6 e 7, observamos os valores de efeito materno dos animais em cada modelo, onde vemos que os animais com melhores efeitos maternos são aqueles do tipo biológico N, em concordância com a literatura (FERRAZ; FELÍCIO, 2010; MONTANA, 2022; MOURÃO et al., 2007). O efeito materno é descrito como a influência materna nos valores fenotípicos de sua prole além dos genes passados para a próxima geração (WILLHAM, 1980) normalmente observado nas primeiras características de crescimento e diminuindo com a evolução da idade (ROBISON, 1981). Todas as características de crescimento desse trabalho apresentaram valores de correlação genético e materno negativa, conforme descrito por muitos na literatura para gado de corte (DEESE; KOGER, 1967; ELER et al., 2000; HOHENBOKEN; BRINKS, 1971; ROBISON, 1981; WILLHAM, 1980). Meyer (1991) e Eler e colaboradores (2000) sugeriram que pode ser interessante assumir que estes efeitos sejam não correlacionados entre si para estimar o valor genético. Mangus and Brinks (1971) and Vesely and Robison (1971) Demonstraram que habilidade materna elevada na mãe gera uma prole de baixa habilidade materna (ROBISON, 1981) e vice-versa. E, também, foi demonstrado que a covariância negativa acaba levando animais com VG alto a terem o efeito materno baixo e vice-versa (ELER et al., 2000). Já na figura 8, quando observamos os componentes principais vemos um agrupamento algumas das populações distintas e independentes e com um baixo valor de variabilidade explicada pelos componentes principais. Ou seja, os componentes principais não conseguiram explicar a diferença entre os animais.

Quando isolamos apenas os animais Montana Tropical é importante destacar os animais classificados com CEIP, que são animais comprovadamente melhoradores da raça e certificados (MAPA, 2017). Nesse caso, como nosso objetivo era avaliar a eficiência dos modelos estatísticos, então optamos por classificar os animais com o maior grau de liberdade possível, diferente de como é feito no programa que busca sempre os melhores animais por safra (MONTANA TROPICAL, 2022), o que acaba reduzindo os graus de liberdade. Desse modo, podemos analisar os impactos mais expressivos de cada modelo.

Animais com VG inferior tendem a ter o custo do seu material genético tende a ser mais acessível também o que pode retardar o melhoramento da raça pois estes animais se encontram numa região inferior ao ponto central da amplitude da classificação dos animais. Como pode ser observado na figura 11, há o erro de 1,90% em animais CEIP, isso significa que dentro dos 27,33% da taxa CEIP, 25,43% dos melhores animais são comprovadamente melhoradores da raça. Porém, mesmo com essa diferença entre modelos estes animais continuam sendo geneticamente superiores e nenhum argumento justifica o não uso deste material genético. A utilização de animais superiores pode causar um impacto econômico de 200% considerando-se apenas efeitos diretos de pesos ao desmame e sobreano (FERRAZ; ELER; REZENDE, 2012), e levando em consideração que animais Montana Tropical® são selecionados para musculatura, que melhora a qualidade da carcaça, perímetro escrotal, que melhora qualidades reprodutivas tanto do macho quanto das fêmeas (SANTANA et al., 2015), e ganho de peso pós desmama, que expressa o efeito direto do animal para ganho de peso sem efeito direto materno, podendo resultar em um impacto econômico maior que 200%.

A diferença encontrada nos três modelos se dá pelas covariáveis de composição genética tanto do animal quanto da mãe. Sendo as características maternas e individuais importantes para se analisar características pré-desmama em animais de rebanhos compostos de muitas raças diferentes (BOCCHI et al., 2008), isso pode explicar uma maior diferença observada em M3 para características de ganho de peso pós-desmama, pois a adição dos componentes individuais em M2 apresentou resultados semelhantes ao modelo mais simples M1. Desse modo, a aplicação de M3 de faz eficiente para avaliar as características quando estimado os componentes de variância em bancos multiraciais. Porém, se tratando do Montana

Tropical[®] uma raça composta e consolidada, os resultados demonstraram que o M1 traz resultados similares aos outros modelos e traz também uma maior eficiência em exigência computacional e de mão de obra para coleta de dados zootécnicos. Já que também, devido a recombinação, estimada como um crossing over por cromossomo por geração em mamíferos(BATTAGIN et al., 2016; COOP; PRZEWORSKI, 2007) tende a produzir novos cromossomos formados por haplótipos das diferentes raças que vão sendo selecionados através do índice padronizado do programa de seleção e melhoramento genético da raça Montana Tropical[®].

6. CONCLUSÃO

O objetivo central deste trabalho foi investigar as diferenças entre os modelos utilizados para estimar o VG dos animais Composto Montana Tropical através do índice de seleção. Durante as avaliações executadas chegamos à conclusão que o modelo mais complexo resulta em VGs mais conservadores que os outros modelos. E que, apesar de que a adição das informações da composição genética da mãe e a recombinação ainda temos pelo menos 88% de correlação para as estimativas como uma raça simples para animais Montana Tropical® e o mesmo comportamento de correlação dos VG. No final foi encontrado erro de classificação de 1,9% dos animais certificados entre os modelos avaliados, logo essas diferenças não causam grande impacto no resultado final do melhoramento genético da raça porque os melhores animais continuam sendo selecionados independentemente do método utilizado para estimar seu valor genético. E, o uso de modelos mais simples para compostos já estabelecidas se faz interessante por facilitar análises futuras.

REFERÊNCIAS

- ABIEC. **Beef Report 2022 – ABIEC**. Disponível em: <http://abiec.com.br/publicacoes/beef-report-2022/#dfliip-df_4284/3/>. Acesso em: 27 jun. 2022.
- AKAIKE, H. A New Look at the Statistical Model Identification. **IEEE Transactions on Automatic Control**, v. 19, n. 6, p. 716–723, 1974.
- ALLAIRE, J. J. RStudio: Integrated Development Environment for R. 2011.
- ALTMAN, N. S. An Introduction to Kernel and Nearest-Neighbor Nonparametric Regression. **The American Statistician**, v. 46, n. 3, p. 175, ago. 1992.
- ANTONIO JOSAHKIAN, L. Programa De Melhoramento Genético Das Raças Zebuínas. **III Simpósio Nacional de Melhoramento Animal**, p. 76–93, 2000.
- BATTAGIN, M. et al. Effect of manipulating recombination rates on response to selection in livestock breeding programs. **Genetics Selection Evolution**, v. 48, n. 1, p. 1–12, 22 jun. 2016.
- BOCCHI, A. L. et al. Avaliação genética multirracial para ganho de peso pré-desmama em bovinos de uma população composta. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 7, p. 1207–1215, jul. 2008.
- BRESSAN, M. C. et al. Differences in intramuscular fatty acid profiles among Bos indicus and crossbred Bos taurus × Bos indicus bulls finished on pasture or with concentrate feed in Brazil. <http://dx.doi.org/10.1080/1828051X.2016.1139478>, v. 15, n. 1, p. 10–21, 25 fev. 2016.
- BULMER, M. G. THE EFFECT OF SELECTION ON GENETIC VARIABILITY. **THE AMERICAN NATURALIST**, v. 105, n. 943, p. 201–211, jun. 1971.
- CARROLL, D. Genetic Recombination. **Brenner’s Encyclopedia of Genetics: Second Edition**, p. 277–280, 1 jan. 2013.
- COOP, G.; PRZEWORSKI, M. An evolutionary view of human recombination. **Nature reviews. Genetics**, v. 8, n. 1, p. 23–34, 5 jan. 2007.
- CROUSE, J. D. et al. Comparisons of Bos Indicus and Bos Taurus Inheritance for Carcass Beef Characteristics and Meat Palatability. **Journal of Animal Science**, v. 67, n. 10, p. 2661–2668, 1 out. 1989.
- DALTRO, D. DOS S. et al. Breed, heterosis, and recombination effects for lactation curves in Brazilian cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 50, p. 1–18, 5 fev. 2021.

DE SOUZA RODRIGUES, R. T. et al. Differences in Beef Quality between Angus (*Bos taurus taurus*) and Nelore (*Bos taurus indicus*) Cattle through a Proteomic and Phosphoproteomic Approach. **PLOS ONE**, v. 12, n. 1, p. e0170294, 1 jan. 2017.

DEESE, R. E.; KOGER, M. Maternal Effects on Preweaning Growth Rate in Cattle. **Journal of Animal Science**, v. 26, n. 2, p. 250–253, 1 mar. 1967.

DICKERSON, G. Efficiency of Animal Production—Molding the Biological Components. **Journal of Animal Science**, v. 30, n. 6, p. 849–859, 1 jun. 1970.

DICKERSON, G. E. INBREEDING AND HETEROSIS IN ANIMALS. **Journal of Animal Science**, v. 1973, n. Symposium, p. 54–77, 1 jan. 1973.

EDEA, Z. et al. Genome-wide scan reveals divergent selection among taurine and zebu cattle populations from different regions. **Animal Genetics**, v. 49, n. 6, p. 550–563, 1 dez. 2018.

ELER, J. P. et al. Influência da Interação Touro x Rebanho na Estimativa da Correlação entre Efeitos Genéticos Direto e Materno em Bovinos da Raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 6, p. 1642–1648, nov. 2000.

ELER, J. P. Teorias e métodos em melhoramento genético animal: sistemas de acasalamento. **Teorias e métodos em melhoramento genético animal: sistemas de acasalamento**, 29 set. 2017a.

ELER, J. P. Teorias e métodos em melhoramento genético animal: seleção. **Teorias e métodos em melhoramento genético animal: seleção**, 29 set. 2017b.

ELZO, M. A.; FAMULA, T. R. Multibreed Sire Evaluation Procedures within a Country. **Journal of Animal Science**, v. 60, n. 4, p. 942–952, 1 abr. 1985.

FAO. Emerging trends and outlook. 2021.

FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P.; GOLDEN, B. L. A formação do composto Montana Tropical. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v. 23, n. 2, p. 115–117, 1999a.

FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P.; GOLDEN, B. L. Análise genética do composto Montana Tropical. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v. 23, n. 2, p. 111–113, 1999b.

FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P.; REZENDE, F. M. Impact of using artificial insemination on the multiplication of high genetic merit beef cattle in Brazil. **Anim Reprod**, n. 9, p. 133–138, 2012.

FERRAZ, J. B. S.; FELÍCIO, P. E. DE. Production systems – An example from Brazil. **Meat Science**, v. 84, n. 2, p. 238–243, 1 fev. 2010.

GILMOUR, A. R.; THOMPSON, R.; CULLIS, B. R. Average Information REML: An Efficient Algorithm for Variance Parameter Estimation in Linear Mixed Models. **Biometrics**, v. 51, n. 4, p. 1440, dez. 1995.

GORJANC, G. et al. Prospects for Cost-Effective Genomic Selection via Accurate Within-Family Imputation. **Crop Science**, v. 57, n. 1, p. 216–228, 1 jan. 2017.

GREGORY, K.; CUNDIFF, L.; KOCH, R. Composite Breeds To Use Heterosis and Breed Differences To Improve Efficiency of Beef Production In cooperation with the Institute of Agriculture and Natural Resources, University of Nebraska-Lincoln. 1999.

GREGORY, K. E. et al. Breed effects, retained heterosis, and estimates of genetic and phenotypic parameters for carcass and meat traits of beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 72, n. 5, p. 1174–1183, 1 maio 1994.

GREGORY, K. E.; CUNDIFF, L. V. Crossbreeding in Beef Cattle: Evaluation of Systems. **Journal of Animal Science**, v. 51, n. 5, p. 1224–1242, 1 nov. 1980.

GREGORY, K. E.; CUNDIFF, L. V.; KOCH, R. M. Genetic and Phenotypic (Co)Variances for Growth and Carcass Genetic and Phenotypic (Co)Variances for Growth and Carcass Traits of Purebred and Composite Populations of Beef Cattle Traits of Purebred and Composite Populations of Beef Cattle Genetic and Phenotypic (Co)Variances for Growth and Carcass Traits of Purebred and Composite Populations of Beef Cattle1#*. 1995a.

GREGORY, K. E.; CUNDIFF, L. V.; KOCH, R. M. Genetic and phenotypic (co)variances for production traits of female populations of purebred and composite beef cattle. **Journal of animal science**, v. 73, n. 8, p. 2235–2242, 1995b.

GREGORY, K. E.; CUNDIFF, L. V.; KOCH, R. M. Genetic and phenotypic (co)variances for production traits of intact male populations of purebred and composite beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 73, n. 8, p. 2227–2234, 1 ago. 1995c.

GRIGOLETTO, L. et al. Genome-wide associations and detection of candidate genes for direct and maternal genetic effects influencing growth traits in the Montana Tropical® Composite population. **Livestock Science**, v. 229, p. 64–76, 1 nov. 2019.

GRIGOLETTO, L. et al. Genetic Architecture of Carcass and Meat Quality Traits in Montana Tropical® Composite Beef Cattle. **Frontiers in Genetics**, v. 11, p. 123, 27 fev. 2020.

HANSEN, P. J. Physiological and cellular adaptations of zebu cattle to thermal stress. **Animal reproduction science**, v. 82–83, p. 349–360, jul. 2004.

HARRIS, D. L. Breeding for Efficiency in Livestock Production: Defining the Economic Objectives. **Journal of Animal Science**, v. 30, n. 6, p. 860–865, 1 jun. 1970.

HENDERSON, C. R. Best Linear Unbiased Estimation and Prediction under a Selection Model. **Biometrics**, v. 31, n. 2, p. 423, jun. 1975a.

HENDERSON, C. R. Comparison of Alternative Sire Evaluation Methods. **Journal of Animal Science**, v. 41, n. 3, p. 760–770, 1 set. 1975b.

HOHENBOKEN, W. D.; BRINKS, J. S. Relationships between Direct and Maternal Effects on Growth in Herefords: II. Partitioning of Covariance between Relatives. **Journal of Animal Science**, v. 32, n. 1, p. 26–34, 1 jan. 1971.

IBGE. **Produção Agropecuária no Brasil | IBGE**. Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/>>. Acesso em: 27 jun. 2022.

JOHNSON, D. L.; THOMPSON, R. Restricted Maximum Likelihood Estimation of Variance Components for Univariate Animal Models Using Sparse Matrix Techniques and Average Information. **Journal of Dairy Science**, v. 78, n. 2, p. 449–456, 1 fev. 1995.

KIPPERT, C. et al. Efeitos genéticos aditivos diretos e maternos e heterozigóticos sobre os desempenhos pré e pós-desmama em uma população multirracial Aberdeen Angus x Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 8, p. 1383–1391, ago. 2008.

KUHN, M. Building Predictive Models in R Using the caret Package. **Journal of Statistical Software**, v. 28, n. 5, p. 1–26, 10 nov. 2008.

LUSH, J. L. Chance as a Cause of Changes in Gene Frequency Within Pure Breeds of Livestock. <https://doi.org/10.1086/281448>, v. 80, p. 318–342, 29 set. 2015.

MADALENA, F. E. et al. Evaluation of Strategies for Crossbreeding of Dairy Cattle in Brazil. **Journal of Dairy Science**, v. 73, n. 7, p. 1887–1901, 1 jul. 1990.

MÄKI-TANILA, A. Animal breeding further ameliorated. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 124, n. 1, p. 1–2, 1 fev. 2007.

MANGUS, W. L.; BRINKS, J. S. Relationships between Direct and Maternal Effects on Growth in Herefords: I. Environmental Factors during Prewaning Growth. **Journal of Animal Science**, v. 32, n. 1, p. 17–25, 1 jan. 1971.

MAPA, M. DA A. P. E A. **Produção Animal**. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/acesso-a-informacao/acoes-e-programas/cartas-de-servico/desenvolvimento-agropecuario-cooperativismo-e-associativismo-rural/copy_of_producao-animal>. Acesso em: 27 jun. 2022.

- MASUDA, Y. Introduction to BLUPF90 suite programs Standard Edition. 2019.
- MATHER, K. CROSSING-OVER. **Biological Reviews**, v. 13, n. 3, p. 252–292, 1938.
- MEYER, K. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. **Genetics, Selection, Evolution : GSE**, v. 23, n. 1, p. 67, 1991.
- MISZTAL, I. et al. BLUPF90 AND RELATED PROGRAMS (BGF90). 2002.
- MONTANA, A. I. DE C. DE. **SUMÁRIO de touros Montana**. 1. ed. Mogi Mirim, São Paulo: [s.n.].
- MOURÃO, G. et al. Genetic parameters for growth traits of a Brazilian Bos taurus x Bos indicus beef composite. **Genetics and Molecular Research**, v. 6, n. 4, p. 1190–1200, 2007.
- MRODE, R. (ED.). Linear models for the prediction of animal breeding values. 2014.
- NEMES, Z. et al. Estimation of nonadditive genetic impacts on lifetime performance through a grading-up breeding program with Holstein-Friesian. **Mljekarstvo : časopis za unaprjeđenje proizvodnje i prerade mlijeka**, v. 64, n. 4, p. 261–267, 27 nov. 2014.
- PEARSON, K. Determination of the coefficient of correlation [2]. **Science**, v. 30, n. 757, p. 23–25, 2 jul. 1909.
- PICCOLI, M. L. et al. Comparison of genomic prediction methods for evaluation of adaptation and productive efficiency traits in Braford and Hereford cattle. **Livestock Science**, v. 231, p. 103864, 1 jan. 2020.
- R CORE TEAM. R: A Language and Environment for Statistical Computing. 2018.
- RESENDE, M. D. V. DE; SILVA, F. F. E; AZEVEDO, C. F. **Estatísticas Matemática, Biométrica e Computacional**. 21. ed. Viçosa, Minas Gerais: Suprema , 2014.
- REZENDE, F. M. et al. Study of using marker assisted selection on a beef cattle breeding program by model comparison. **Livestock Science**, v. 147, n. 1–3, p. 40–48, 1 ago. 2012.
- ROBISON, O. W. The influence of maternal effects on the efficiency of selection; A review. **Livestock Production Science**, v. 8, n. 2, p. 121–137, 1981.
- ROCHA PASSOS, B. et al. Tolerância ao calor em bovinos das raças Nelore branco, Nelore vermelho e Pantaneira Heat tolerance in Nelore branco, Nelore vermelho and Pantaneira breeds in the Pantanal region, Brazil. **Rev. Bras. Saúde Prod. Anim**, 2014.

- SANTANA, M. L. et al. Genetic associations among average annual productivity, growth traits, and stayability: A parallel between Nelore and composite beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 91, n. 6, p. 2566–2574, jun. 2013.
- SANTANA, M. L. et al. Genotype by production environment interaction for birth and weaning weights in a population of composite beef cattle. **Animal**, v. 8, n. 3, p. 379–387, mar. 2014a.
- SANTANA, M. L. et al. Genotype by environment interaction for post-weaning weight gain, scrotal circumference, and muscling score of composite beef cattle in different regions of Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 13, n. 2, p. 3048–3059, 17 abr. 2014b.
- SANTANA, M. L. et al. Two-trait random regression model to estimate the genetic association of scrotal circumference with female reproductive performance in Nelore cattle. **Theriogenology**, v. 83, n. 9, p. 1534–1540, 1 jun. 2015.
- SCHLUCHTER, M. D. Mean Square Error. **Encyclopedia of Biostatistics**, 15 jul. 2005.
- SHEN, B. et al. Characterization of recombination features and the genetic basis in multiple cattle breeds. **BMC Genomics**, v. 19, n. 1, p. 1–10, 27 abr. 2018.
- SILVA, B. DA C. A. Estudo da multicolinearidade em bovinos compostos multirraciais. 27 mar. 2021.
- SØRENSEN, M. K. et al. Invited Review: Crossbreeding in Dairy Cattle: A Danish Perspective. **Journal of Dairy Science**, v. 91, n. 11, p. 4116–4128, 1 nov. 2008.
- SYRSTAD, O. Heterosis in *Bos taurus* × *Bos indicus* crosses. **Livestock Production Science**, v. 12, n. 4, p. 299–307, 1 jun. 1985.
- VESELY, J. A.; ROBISON, O. W. Conventional Selection Indexes for Birth and Weaning Traits in Beef Calves. **Journal of Animal Science**, v. 33, n. 3, p. 537–540, 1 set. 1971.
- WAKCHAURE, R. et al. Importance of Heterosis in Animals: A Review. **International Journal of Advanced Engineering Technology and Innovative Science**, 2015.
- WICKHAM, H. ggplot2. Use R! 2016.
- WILLHAM, R. L. Problèmes posés par l'estimation des effets maternels. **Livestock Production Science**, v. 7, n. 5, p. 405–418, 1980.
- WISLER, C. The Spearman correlation formula. **Science**, v. 22, n. 558, p. 309–311, 8 set. 1905.

WRIGHT, S. Evolution in Mendelian Populations. **Genetics**, v. 16, n. 2, p. 97, 1 mar. 1931.