

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**ESTIMATIVAS DE (CO)VARIÂNCIA GENÉTICA DE PESOS
DO NASCIMENTO ATÉ A MATURIDADE EM REBANHOS
DA RAÇA NELORE USANDO MODELOS DE REGRESSÃO
ALEATÓRIA E DE CARACTERÍSTICAS MÚLTIPLAS**

Arione Augusti Boligon
Zootecnista

JABOTICABAL - SP - BRASIL
2008

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**ESTIMATIVAS DE (CO)VARIÂNCIA GENÉTICA DE PESOS
DO NASCIMENTO ATÉ A MATURIDADE EM REBANHOS
DA RAÇA NELORE USANDO MODELOS DE REGRESSÃO
ALEATÓRIA E DE CARACTERÍSTICAS MÚLTIPLAS**

Arione Augusti Boligon

Orientador: **Prof^a. Dr^a. Lucia Galvão de Albuquerque**
Co-Orientador: **Dr^a. Maria Eugênia Zerlotti Mercadante**

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento Animal

JABOTICABAL – SP
Fevereiro de 2008

B689e Boligon, Arione Augusti
Estimativas de (co)variância genética de pesos do nascimento até a maturidade em rebanhos da raça Nelore usando modelos de regressão aleatória e de características múltiplas / Arione Augusti Boligon – – Jaboticabal, 2008
x, 87 f. ; 28 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2008
Orientador: Lucia Galvão de Albuquerque
Banca examinadora: Henrique Nunes de Oliveira, Claudia Cristina Paro de Paz
Bibliografia

1. Curva de crescimento. 2. Dados longitudinais. 3. Modelos de regressão aleatória. 4. Peso adulto. I. Título. II. Jaboticabal - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 636.082.22:636.2

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação - Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Campus de Jaboticabal.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

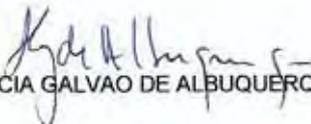
TÍTULO: ESTIMATIVAS DE (CO)VARIÂNCIA GENÉTICA DE PESOS DO NASCIMENTO ATÉ A MATURIDADE EM REBANHOS DA RAÇA NELORE USANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA E DE CARACTERÍSTICAS MÚLTIPLAS

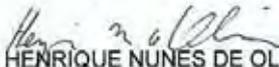
AUTORA: ARIONE AUGUSTI BOLIGON

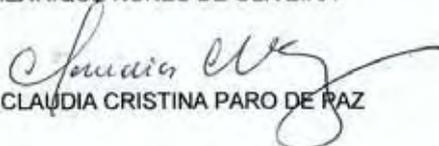
ORIENTADORA: Dra. LUCIA GALVAO DE ALBUQUERQUE

Co-Orientador(a): Dra. MARIA EUGÊNIA ZERLOTTI MERCADANTE

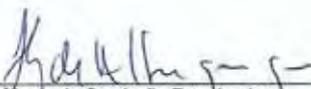
Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de MESTRE em GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL pela Comissão Examinadora:


Dra. LUCIA GALVAO DE ALBUQUERQUE


Dr. HENRIQUE NUNES DE OLIVEIRA


Dra. CLAUDIA CRISTINA PARO DE RAZ

Data da realização: 25 de fevereiro de 2008.


Presidente da Comissão Examinadora
Dra. LUCIA GALVAO DE ALBUQUERQUE

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

ARIONE AUGUSTI BOLIGON - nascida em 20 de setembro de 1982, na cidade de Bossoroca – RS, filha de Sérgio Boligon e Glória Maria Augusti Boligon. Iniciou em março de 2001 o curso de graduação em Zootecnia na Universidade Federal de Santa Maria, obtendo o título de Zootecnista em fevereiro de 2006. Em março de 2006 ingressou no Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Campus de Jaboticabal – SP, como bolsista da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo, FAPESP, obtendo o grau de mestre em 25 de fevereiro de 2008, sob orientação da Prof^a. Dr^a. Lucia Galvão de Albuquerque.

***"O valor das coisas não está no tempo em que elas duram,
mas na intensidade com que acontecem.
Por isso existem momentos inesquecíveis,
coisas inexplicáveis e
pessoas incomparáveis".***

Fernando Pessoa

Aos meus pais, Glória Maria e Sérgio pelo amor, apoio e incentivo

Aos meus irmãos, Alex, Alexandra e Aline pela amizade

A todos os meus amigos e familiares

Dedico e Ofereço

AGRADECIMENTOS

À Deus, que me concedeu a vida e a oportunidade para a realização de grandes sonhos.

Aos meus pais, pela educação, amor e exemplo de vida.

Aos meus irmãos, Alex, Alexandra e Aline e cunhados, Rosângela, Leandro e Giancarlo, pela amizade e ótimos momentos de convivência.

Ao Gabriel, meu sobrinho e afilhado, que tornou nossa família ainda mais feliz.

Ao Fabio, pelo amor, apoio, paciência, amizade e ao carinho de tua família.

À minha orientadora, Dra. Lucia Galvão de Albuquerque, pelas valiosas sugestões, orientação, amizade e exemplo de profissionalismo.

À minha co-orientadora, Dra. Maria Eugênia Zerlotti Mercadante, pela ajuda no decorrer do trabalho e pelos ensinamentos durante o período.

Aos componentes da banca examinadora, Dr. Henrique Nunes de Oliveira e Dra. Claudia Cristina Paro de Paz, pela disponibilidade e valiosas sugestões que contribuíram para aprimorar este trabalho.

À Dra. Lenira El Faro pelas correções e sugestões prestadas no Exame de Qualificação.

À UNESP e ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal, pela oportunidade de crescimento científico que me proporcionaram.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), pelo apoio financeiro.

À Associação Brasileira de Criadores e Pesquisadores, pela concessão das informações utilizadas nesse trabalho.

Aos queridos colegas de Pós-graduação, por me tratarem com carinho, amizade e pela imensa ajuda durante esse período. Adoro vocês...

À vocês todos, meu carinho e gratidão!

***“Pensamentos se tornam ações, ações se tornam hábitos,
hábitos se tornam caráter e,
nosso caráter se torna nosso destino”.***

(James Hunter – trecho de “O monge e o executivo”)

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1- CONSIDERAÇÕES GERAIS	11
<i>Objetivos Gerais.....</i>	<i>12</i>
<i>Revisão de Literatura.....</i>	<i>13</i>
<i>Referências Bibliográficas</i>	<i>20</i>
CAPÍTULO 2- HERDABILIDADES E CORRELAÇÕES ENTRE PESOS DO NASCIMENTO À IDADE ADULTA EM REBANHOS DA RAÇA NELORE	
<i>Introdução.....</i>	<i>26</i>
<i>Material e Métodos</i>	<i>27</i>
<i>Resultados e Discussão</i>	<i>29</i>
<i>Conclusões.....</i>	<i>38</i>
<i>Referências Bibliográficas</i>	<i>38</i>
CAPÍTULO 3- MODELOS PARA AVALIAÇÃO GENÉTICA DO PESO ADULTO DE FÊMEAS NELORE	
<i>Introdução.....</i>	<i>43</i>
<i>Material e Métodos</i>	<i>44</i>
<i>Resultados e Discussão</i>	<i>47</i>
<i>Conclusões.....</i>	<i>54</i>
<i>Referências Bibliográficas</i>	<i>55</i>
CAPÍTULO 4- ESTIMATIVAS DE (CO)VARIÂNCIAS GENÉTICAS DE PESOS DO NASCIMENTO A MATURIDADE UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA PARA FÊMEAS DA RAÇA NELORE	
<i>Introdução.....</i>	<i>59</i>
<i>Material e Métodos</i>	<i>60</i>
<i>Resultados e Discussão</i>	<i>66</i>
<i>Conclusões.....</i>	<i>81</i>
<i>Referências Bibliográficas</i>	<i>82</i>
CAPÍTULO 5- CONSIDERAÇÕES FINAIS	86

**ESTIMATIVAS DE COVARIÂNCIA GENÉTICA DE PESOS DO NASCIMENTO
ATÉ A MATURIDADE EM REBANHOS DA RAÇA NELORE USANDO
MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA E DE CARACTERÍSTICAS
MÚLTIPLAS**

RESUMO- Foram estimados parâmetros genéticos para pesos do nascimento à idade adulta de animais da raça Nelore por meio de análises uni, bi e multicaracterísticas e modelos de regressão aleatória. Os dados utilizados são de animais nascidos de 1975 e 2002, provenientes de 8 fazendas participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN). Os pesos foram obtidos do nascimento aos 8 anos de idade. Nas análises uni, bi e multicaracterísticas foram utilizados pesos em idades padrão como nascimento, desmama, ano, sobreano e aos 2, 3 e 5 anos de idade. Também foram realizadas análises utilizando o peso mais próximo aos 4,5 anos de idade como indicativo de peso adulto, considerando uma única medida a partir de 2, 3 e 4 anos de idade ou como registros repetidos de pesos a partir dessas mesmas idades. Nas análises de regressão aleatória, foram utilizados pesos de fêmeas do nascimento aos 8 anos de idade, considerando como variáveis independentes polinômios de Legendre da idade na data da pesagem. A variância residual foi modelada por meio de classes variando de 1 a 5. Foram utilizados 8 modelos de coeficientes de regressão aleatória para os efeitos direto e materno de animal, e de ambiente permanente de animal e materno. O modelo multicaracterística, incluindo registros de pesos ao desmame e à seleção é o mais indicado para a avaliação genética de pesos pós-desmama. Em avaliações genéticas para a característica de peso adulto, o emprego de modelos de repetibilidade, considerando pesos a partir de 3 anos de idade, seria o mais adequado em relação à utilização de medida única. Os modelos de regressão aleatória foram capazes de modelar o padrão de variâncias dos dados de forma adequada, com estimativas semelhantes às obtidas na análise multicaracterística. O modelo definido como o

mais adequado foi o que considerou os efeitos genéticos aditivos direto e materno e de ambiente permanente do animal e materno ajustados por polinômios quártico, cúbico, sexto e cúbico, respectivamente, considerando 5 classes de variâncias para modelar o resíduo. As estimativas de variâncias genéticas aditivas diretas obtidas por modelo multicausal e de regressão aleatória foram semelhantes. As estimativas de herdabilidade do efeito genético direto obtidas por modelos de regressão aleatória seguiram tendência semelhante às obtidas em análise multicausal. As estimativas de herdabilidades maternas foram maiores próximo aos 240 dias de idade. De maneira geral, as correlações estimadas entre os pesos do nascimento aos 8 anos de idade diminuíram conforme o distanciamento entre as idades.

Palavras-chave: curva de crescimento, dados longitudinais, modelos de regressão aleatória, peso adulto

ESTIMATES OF GENETIC COVARIANCE FOR WEIGHTS FROM BIRTH TO MATURE IN NELORE CATTLE USING RANDOM REGRESSION MODELS AND MULTIPLE-TRAIT

ABSTRACT- Weight records of Nelore cattle from birth to mature age were analyzed using univariate, bivariate, multivariate and random regression models. Records of Nelore cattle born from 1975 to 2002, from 8 herds participating in the Nelore Cattle Breeding Program (NCBP) were used. The weights were obtained from birth to 8 years of age. Weights at birth, weaning, yearling, 18 months and 2, 3 and 5 years of age were analyzed using univariate, bivariate and multivariate models. Also, as indicative of the mature weight, the weight closest to 4.5 years of age, was analyzed considering only one record or repeated records obtained from 2, 3 and 4 years of age. For random regression models age of cow varied from birth to 8 years. Direct and maternal genetic and, animal and maternal permanent environmental variances were modeled by random regression on Legendre polynomials of age at recording, with order of fit from 3 to 6 and a total of 8 models. Residual variances were modeled by a step function with 1 or 5 classes. The multivariate model including weight records at weaning and at selection age is the most indicated for genetic evaluation of pos-weaning weights. For genetic evaluation of mature weight to use repeated records obtained from 3 years of age is better than only one record per animal. The random regression models were able to model changes of variances with age adequately, with parameter estimates similar to those obtained by multivariate analyses. The model with direct and maternal genetic effects, animal and maternal permanent environmental effects adjusted by quartic, cubic, sixth and cubic polynomials, respectively, and residual variances modeled by 5 classes, was the most adequate to describe the covariance structure of the data. Genetic variance estimates obtained by multivariate analyses and random regression model were very similar. The heritability estimates obtained by random regression model were

similar than those estimated with multivariate analyses. The maternal heritability estimates increased from birth to 240 days of age and decreased with age thereafter. In general, correlation estimates between weights from birth to 8 years of age decreased with increasing age between weights.

Keywords: growth curve, longitudinal data, mature weight, random regression model

CAPÍTULO 1- CONSIDERAÇÕES GERAIS

A taxa de desfrute do rebanho bovino brasileiro é baixa (aproximadamente 24%) se comparada aos rebanhos criados nos países desenvolvidos, cujas taxas de desfrute variam de 35 a 40% (ANUALPEC, 2006). Dentre os fatores responsáveis pela baixa taxa de desfrute no Brasil, podem ser destacados: problemas inerentes à alimentação e sanidade, ao manejo e ao potencial genético dos animais para produção de carne.

Uma das maneiras de aumentar a taxa de desfrute é encurtar o ciclo de produção aumentando a taxa de crescimento dos animais, por meio de programas de melhoramento genético que priorizem a seleção de características de importância econômica, tais como, reprodutivas e de crescimento. Desse modo, torna-se imprescindível a disponibilidade de estimativas acuradas dos parâmetros genéticos, pois estes constituem elementos básicos no estabelecimento de diretrizes para a seleção.

A tendência atual de mercado é buscar animais precoces, os quais são mais viáveis economicamente, pois permanecem menos tempo nas pastagens ou confinamentos, encurtando o ciclo de produção. Dessa forma, a seleção genética de animais para características de crescimento obtidas em idades jovens é de fundamental importância e sua adoção, por certo, promoverá benefícios econômicos. Além disso, as características de crescimento possuem a vantagem de serem de fácil medição e de apresentarem herdabilidade média magnitude, indicando que a seleção resultará em progresso genético.

Por outro lado, a seleção para maiores pesos e/ou ganhos em peso em idades jovens pode resultar em aumento no tamanho adulto dos animais (CARTWRIGHT, 1970; BARBOSA, 1991; BULLOCK et al., 1993; SILVA et al., 2000). Tanto criadores como pesquisadores têm discutido a respeito das consequências do aumento indiscriminado do tamanho da vaca sobre a produtividade do rebanho. Uma preocupação importante é o fato de que a energia necessária para atingir e manter o peso adulto da vaca representa o maior custo

no sistema de produção de carne (FERRELL & JENKINS, 1985; MONTAÑO-BERMUDEZ et al., 1990).

Segundo JENKINS & FERRELL (1994), o desempenho produtivo de animais de diferentes tamanhos está diretamente relacionado com as condições de alimentação nas quais os mesmos são criados. Portanto, na escolha do tamanho ideal para matrizes deve-se levar em conta o ambiente em que estas serão submetidas, considerando-se ainda que o peso adulto é uma característica que apresenta ampla variação genética aditiva (JENKINS et al., 1991). Em ambientes livres de estresse, com alimentação farta, biótipos com maior potencial para tamanho adulto podem ser mais eficientes, enquanto que em situações de estresse ou de escassez de recursos, deveriam ser preferíveis os mais rústicos e de tamanho moderado (JENKINS & FERRELL, 1994).

Os estudos disponíveis sobre peso adulto de *Bos indicus* sugerem a existência de variabilidade genética suficiente para o alcance de mudança genética em programas de melhoramento (ROSA et al., 2000), seja com objetivo de diminuir, aumentar, ou mantê-lo constante. Entretanto observa-se uma grande lacuna nas pesquisas sobre peso adulto de raças zebuínas em condições brasileiras, desde abordagens sobre que pesos devem ser considerados em uma avaliação genética, até a magnitude das correlações com pesos e ganhos em peso obtidos em idades jovens. Dessa forma, são fundamentais estudos que relacionem o peso adulto de matrizes com as características de crescimento incluídas nos índices de seleção preconizados pelos programas de melhoramento genético de bovinos de corte.

Objetivos Gerais

Os objetivos do presente trabalho foram:

- Estimar funções de covariâncias genéticas para pesos do nascimento a idade adulta de animais da raça Nelore por meio de modelos de regressão aleatória;

- Estimar, através de análises de características múltiplas, os componentes de variância e as correlações genéticas e fenotípicas entre características de crescimento obtidas em idades jovens com o peso adulto, com a finalidade de fornecer uma base de comparação das covariâncias obtidas no modelo de regressão aleatória.

Revisão de Literatura

1- Modelos de Regressão Aleatória e de Características Múltiplas

As principais fontes de informação utilizadas nas avaliações genéticas de gado de corte são os pesos corporais tomados durante a vida dos animais. Para padronizar as análises, os programas de melhoramento estabelecem determinadas idades às quais os pesos são ajustados antes de serem avaliados, sendo conhecidas como idades-padrão. Segundo SAKAGUTI et al. (2003), estas análises consideram cada peso como sendo uma característica distinta.

A utilização de modelos de características múltiplas em análises conjuntas de pesos ajustados às idades-padrão fornece informações sobre as relações lineares existentes entre cada par de idades, porém nenhuma inferência pode ser feita a respeito dos pesos nas idades intermediárias. Por outro lado, segundo ALBUQUERQUE (2003), os modelos de regressão aleatória permitem a predição de valores genéticos para a curva de crescimento como um todo, para qualquer idade desejada.

A seleção para alterar a forma da curva de crescimento dos animais, aumentando a taxa de crescimento até o peso de abate sem alterar o tamanho adulto, tem sido preconizada como uma alternativa para melhorar a eficiência de produção em gado de corte (CARTWRIGHT, 1970; KAPS et al., 2000; ARANGO & VAN VLECK, 2002). Recentemente, as funções de covariâncias e os modelos de regressão aleatória têm sido propostos como alternativa para modelar

características que são medidas repetidas vezes nos animais (MEYER, 1998a; MEYER, 1999; MEYER, 2001).

As funções de covariância são consideradas alternativas para se trabalhar com dados longitudinais, pois permitem a descrição da mudança gradual das covariâncias em função do tempo e a predição de variâncias e covariâncias para pontos ao longo da curva de crescimento, mesmo existindo pouca informação entre os pontos (KIRKPATRICK et al., 1990; MEYER, 1998a, 1999). Além disso, podem ser obtidas por matrizes de covariância entre os coeficientes de regressão estimados por meio de modelos de regressão aleatória (MEYER, 1998a).

Os modelos de regressão aleatória, denominados modelos de “dimensão infinita”, possibilitam trabalhar com medidas tomadas inúmeras vezes durante a vida de um indivíduo e estas estão mais fortemente correlacionadas quanto mais próximas forem tomadas. Esses modelos são considerados casos especiais de funções de covariância e permitem estimar diretamente os coeficientes das funções de covariância pelo método da máxima verossimilhança restrita (MEYER, 1998b).

No Brasil, alguns trabalhos utilizando modelos de regressão aleatória têm sido realizados com a finalidade de estudar características de crescimento em bovinos de corte. SAKAGUTI et al. (2003) aplicaram modelos de regressão aleatória para estimar funções de covariância para pesos dos 365 aos 550 dias de idade de bovinos da raça Tabapuã, concluindo que tais modelos permitiram estimar componentes de variâncias em qualquer idade, além de fornecer parâmetros adicionais úteis às avaliações genéticas de bovinos de corte. Para a raça Nelore, ALBUQUERQUE & MEYER (2001) estimaram funções de covariância empregando um conjunto de modelos de regressões aleatórias a três conjuntos de dados de pesos do nascimento aos 630 dias de idade, concluindo que as regressões aleatórias descreveram adequadamente as mudanças de covariâncias com a idade.

De modo semelhante, DIAS et al. (2006) estimaram parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade através de modelos de regressão

aleatória e concluíram que tais modelos mostraram-se adequados para descrever as mudanças de variâncias dos pesos. Por outro lado, analisando curva de crescimento através de modelos de regressão aleatória e de característica múltiplas, considerando pesos do nascimento aos 733 dias de idade, NOBRE et al. (2003) observaram que os modelos de regressão aleatória foram mais sensíveis a problemas amostrais em relação aos de característica múltipla.

Cabe ressaltar que, em gado de corte, são recentes os trabalhos empregando regressão aleatória para características de crescimento, ou seja, para avaliação de pesos em diferentes idades e, a alta demanda em recursos computacionais tem, até o momento, inviabilizado o emprego desta metodologia em sistemas de avaliações genéticas que fazem uso de grandes bancos de dados. Além disso, os trabalhos utilizando modelos de regressão aleatória em dados de raças zebuínas são restritos aos pesos obtidos nos períodos do nascimento ou da desmama até em torno de 2 anos de idade, não incluindo pesos adultos.

2- Resultados da literatura

O peso adulto é interpretado como o tamanho médio à maturidade, independentemente de flutuações de curto prazo devido a efeitos ambientais como clima e disponibilidade de alimentos (FITZHUGH Jr., 1976). Segundo BULLOCK et al. (1993), o peso adulto pode ser estimado através de vários procedimentos, porém, o mais óbvio seria a obtenção da média de todos os pesos obtidos após o animal ter parado de crescer. TAYLOR (1985) recomenda que a predição do peso adulto poderia ser baseada em todas as informações disponíveis, uma vez que, pesos de animais contemporâneos criados sob um mesmo ambiente também aumenta a acurácia de predição.

Do mesmo modo, em rebanhos em que há, por razões econômicas, uma pré-seleção ao desmame e a seleção propriamente dita ao ano ou sobreano, estes caracteres poderiam ser analisados juntamente com o peso adulto para

levar em conta a seleção nas informações de peso adulto (MEYER, 1995; KAPS et al., 1999). Neste contexto, MERCADANTE et al. (2004) observaram que a inclusão de pesos de fêmeas Nelore anteriores a 5 anos, juntamente com registros de vacas com 5 anos ou mais, em uma avaliação de peso adulto aumenta a acurácia da predição. Cabe ressaltar que estudos com peso adulto de zebuínos ainda são raros na literatura devido ao fato que ainda existam poucos registros de peso adulto de matrizes.

Atualmente, os estudos que visam estimar parâmetros genéticos para o peso adulto indicam diferentes formas de considerar tal medida, entre elas, destacam-se: medidas de peso obtidas no início da estação de monta (MERCADANTE et al., 2004); primeiro peso observado a partir dos quatro anos de idade (SILVA et al., 2000; ROSA et al., 2001 e TALHARI et al., 2003); medidas repetidas considerando o peso adulto a partir dos quatro anos de idade (KAPS et al., 1999); peso obtido logo após o parto (MELLO et al., 2006); todos os pesos disponíveis de fêmeas que entram na monta (ARANGO & PLASSE, 2002; CHOY et al., 2002); e também por meio da modelagem de curvas de crescimento e posterior estimação das herdabilidade dos parâmetros da curva (MEYER, 1995; KAPS et al., 2000; SILVA et al., 2000; TALHARI et al., 2003; FORNI et al., 2006).

Estimativas de Herdabilidade

Utilizando análise uni ou multicaracterística para avaliar peso adulto em rebanhos da raça Canchim, BARBOSA (1991), SILVA et al. (2000) e TALHARI et al. (2003) estimaram herdabilidades de média magnitude, variando de 0,38 a 0,46. ROSA et al. (2000 e 2001), utilizando análise unicaracterística estimaram herdabilidade de 0,36 e 0,26 para o peso adulto de matrizes da raça Nelore, de um e de vários rebanhos, respectivamente.

KOOTS et al. (1994), em trabalho de revisão incluindo resultados de origem experimental e de campo de *Bos taurus*, relataram herdabilidade para peso adulto das matrizes com valor médio de 0,51. Por outro lado, cinco estudos realizados

para avaliar o peso adulto em bovinos criados em regiões tropicais, indicam valor bem inferior para herdabilidade, ou seja, 0,28 (LÔBO et al., 2000).

Estimativas de herdabilidade de alta magnitude também foram relatadas por BULLOCK et al. (1993), KAPS et al. (1999), CHOY et al. (2002) e ARANGO & PLASSE (2002), as quais variaram de 0,49 a 0,83. MERCADANTE et al. (2004), utilizando pesos de todas as fêmeas na entrada da estação de monta estimaram herdabilidade variando de 0,34 a 0,57, em rebanhos experimentais da raça Nelore.

Modelos de regressão aleatória têm sido utilizados para estimação de parâmetros genéticos com a finalidade de descrever mudanças nas variâncias e covariâncias de características de crescimento em função da idade em gado de corte (SAKAGUTI et al., 2003; MEYER, 2001; ALBUQUERQUE & MEYER, 2001; NOBRE et al., 2003). No geral, as estimativas de herdabilidade obtidas através modelos de regressão aleatória apresentam maior magnitude no início e no final do período do crescimento.

Trabalhando com bovinos de corte, MEYER (2001) estimou herdabilidade para o efeito direto de menor magnitude para pesos obtidos próximos aos 100 dias de idade, período em que os efeitos maternos foram mais importantes, comparativamente aos pesos nas demais idades. Resultado semelhante foi relatado por ALBUQUERQUE & MEYER (2001), em bovinos da raça Nelore.

Estudando peso do nascimento aos 733 dias de idade de bovinos da raça Nelore, através de modelos de características múltiplas e por regressão aleatória, NOBRE et al. (2003) relataram estimativas de herdabilidade para o efeito direto, maiores no final do período estudado, variando de 0,20 a 0,35. As estimativas de herdabilidade do efeito materno foram maiores até a desmama (0,12), diminuindo posteriormente (0,07). Entretanto, tais autores alertam que registros perdidos em determinadas idades podem influenciar os resultados obtidos através de modelos de regressão aleatória.

DIAS et al. (2006) estimaram herdabilidade direta de magnitude baixa a moderada para pesos do nascimento aos 570 dias de idade, sendo maiores no

nascimento (0,26) e ao final do período estudado (0,21). A herdabilidade materna foi maior no período da desmama (0,14). Tais autores sugerem que os efeitos maternos devem ser considerados nas avaliações de características de crescimento, mesmo após o período de desmama, pois o modelo que incluiu os efeitos genético direto, materno e de ambiente permanente foi o mais adequado para ajustar os dados analisados.

Estimativas de Correlações Genéticas

Geralmente, em gado de corte, as estimativas de correlações genéticas entre pesos em diferentes idades são positivas e de magnitude moderada a alta (MERCADANTE et al., 2004). Em trabalhos relatados por BARBOSA (1991), BULLOCK et al. (1993) e ARANGO et al. (2002), as correlações genéticas entre peso adulto de fêmeas e peso em idades jovens, foram em todos os casos positivas e maiores do que 0,45. Segundo ARANGO et al. (2002), as magnitudes das correlações entre pesos de vacas dos dois aos oito anos de idade diminuíram gradualmente na medida em que a diferença entre idades foi maior.

TALHARI et al. (2003), trabalhando com fêmeas da raça Canchim, estimaram correlações genéticas entre os pesos ao desmame, ano e aos 18 meses com o peso ao primeiro parto (0,66; 0,42 e 0,77, respectivamente) e o peso adulto (0,66; 0,65 e 0,60, respectivamente) variando de moderada a alta magnitude. Esses resultados concordam com aqueles relatados por BARBOSA (1991) para fêmeas da mesma raça. Porém, SILVA et al. (2000), trabalhando com peso aos 12 meses de idade em machos e peso das fêmeas ao primeiro parto obtiveram correlação genética de 0,69. Ainda em rebanhos da raça Canchim, MELLO et al. (2006) obtiveram valor de correlação genética de 0,86, respectivamente, entre o peso ao primeiro parto e o peso na idade adulta.

Avaliando pesos de animais da raça Angus, KAPS et al. (2000) estimaram correlações genéticas de 0,91 e 0,70 entre peso a desmama e pesos aos 365

dias e 550 dias de idade, respectivamente. KAPS et al. (1999) estimaram correlação genética de 0,63 entre peso a desmama e peso adulto.

Avaliando fêmeas da raça Nelore, MERCADANTE et al. (2004) relataram correlação genética de 0,80 entre peso ajustado aos 550 dias de idade e peso adulto. Assim, a seleção para maior peso aos 550 dias de idade pode trazer, como consequência, o aumento do peso adulto das vacas.

Utilizando modelos de regressão aleatória e de características múltiplas para avaliar pesos medidos do nascimento aos 733 dias de idade, NOBRE et al. (2003) estimaram correlações genéticas entre os pesos aos 333 dias e pesos dos 243 a 426 dias de idade acima de 0,80 para rebanhos da raça Nelore, indicando que os pesos dos 250 dias aos 450 dias poderiam ser ajustados aos 333 dias de idade e analisados como um único peso. Porém, as correlações genéticas obtidas entre pesos medidos em idades mais avançadas, ou seja, peso ajustado aos 683 dias de idade com pesos obtidos em idades inferiores a 600 dias foram abaixo de 0,60, sugerindo que o peso aos 683 dias de idade não pode ser predito através de pesos obtidos em idades anteriores.

SCARPEL (2004), também utilizando modelos de regressão aleatória para avaliar peso do nascimento aos 365 dias de idade, estimou correlações genéticas de altas magnitudes entre o peso ao nascer e os demais pesos em idades iniciais e menores valores entre o peso ao nascer e os pesos em idades mais distantes. Do mesmo modo, DIAS et al. (2006) estimaram correlações genéticas moderadas entre os pesos ao nascimento e em idades padrão, sendo 0,58; 0,50 e 0,32 entre o peso ao nascer e os pesos aos 240, 365 e 550 dias, respectivamente. Entre os pesos aos 240 e 365 dias (0,98), 240 e 550 dias (0,78) e 365 e 550 dias (0,88) as correlações genéticas foram altas. Esses resultados assemelham-se aos relatados por ALBUQUERQUE (2003) para fêmeas da raça Nelore.

Apesar de existirem vários trabalhos na literatura que empregam modelos de regressão aleatória para análise de crescimento de bovinos de corte, não constam trabalhos que consideraram registros de pesos do nascimento à maturidade. Alguns destes limitaram-se ao estudo do peso adulto (MEYER,

2001), outros consideraram o crescimento dos dois anos de idade até a maturidade (MEYER, 1999) e outros ainda, consideraram registros do nascimento até aproximadamente dois anos de idade (ALBUQUERQUE & MEYER, 2001; NOBRE et al., 2003).

Referências Bibliográficas

ALBUQUERQUE, L. G. **Modelos de dimensão infinita aplicados a características de crescimento de bovinos da raça Nelore**. 2003. 83f. Tese (Livre-Docência) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2003.

ALBUQUERQUE, L.G., MEYER, K. Estimates of direct and maternal genetics effects for weights from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.118, p.83-92, 2001.

ANUALPEC 2006: **Anuário da Pecuária Brasileira**. São Paulo: FNP Consultoria & Comércio, 2006. 369p.

ARANGO, A., CUNDIFF, L.V., VAN VLECK, L.D. Genetic parameters for weight, weight adjusted for body condition score, height, and body condition score in beef cows. **Journal Animal Science**, v.80, p.3112-3122, 2002.

ARANGO, J., PLASSE, D. Cow weight in a closed Brahman herd. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Proceedings...** Montpellier: 2002. CD-ROM.

ARANGO, J.A., VAN VLECK, L.D. Size of beef cows: early ideas, new developments. **Genetics and Molecular Research**, v.1, p.51-63, 2002.

BARBOSA, P.F. **Análise genético-quantitativa de características de crescimento e reprodução em fêmeas da raça Canchim**. Ribeirão Preto: Universidade de São Paulo, 1991. 237p. Tese (Doutorado em Genética) - Universidade de São Paulo, 1991.

BULLOCK, K.D., BERTRAND, J.K., BENYSHERK, L.L. Genetic and environmental parameters for mature weight and other growth measures in Polled Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, v.71, n.7, p.1737- 1741, 1993.

CARTWRIGHT, T.C. Selection criteria for beef cattle for the future. **Journal of Animal Science**, v.30, p.706-711, 1970.

CHOY, Y.H., BRINKS, J.S., BOURDON, R.M. Repeated-measure animal models to estimate genetic components of mature weight, hip height, and body condition score. **Journal Animal Science**, v.80, p.2071-2077, 2002.

DIAS, L.T., ALBUQUERQUE, L.G., TONHATI, H., TEIXEIRA, R.A. Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.5, p.1915-1925, 2006.

FERREL, C.L., JENKINS, T.G. Cow type and the nutritional environment: Nutritional aspects. **Journal of Animal Science**, v.61, n. 3, p.725-741, 1985.

JENKINS, T.G., KAPS, M., CUNDIFF, L.V., FERRELL, C.L. Evaluation of between-and within-breed variation in measures of weight-age relationships. **Journal Animal Science**, v.69, p.3118-3128, 1991.

JENKINS, T.G.; FERRELL, C.L. Productivity through weaning of nine breeds of cattle under varying feed availabilities: I. Initial evaluation. **Journal Animal Science**, v.72, n.11, p.2787-2797, 1994.

FITZHUGH JR., H.A. Analysis of growth curves and strategies for altering their shape. **Journal of Animal Science**, v.42, n.4, p.1036-1051, 1976.

FORNI, S., PILES, M., BLASCO, A., VARONA, L., OLIVEIRA, H.N., LÔBO, R.B., ALBUQUERQUE, L.G. Genetic analysis of growth curve parameters applying a Von Bertalanffy function to be cattle longitudinal data. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2006, Belo Horizonte, **Anais...** Belo Horizonte: WCGALP, 2006.

KAPS, M., HERRING, W.O., LAMBERSON, W.R. Genetic and environmental parameters for mature weight in Angus cattle. **Journal of Animal Science**, v.77, n.3, p.569-574, 1999.

KAPS, M., HERRING, W.O., LAMBERSON, W.R. Genetic and environmental parameters for traits derived from the Brody growth curve and their relationships with weaning weight in Angus cattle. **Journal of Animal Science**, v.78, n.6, p.1436-1442, 2000.

KIRKPATRICK, M., LOFSVOLD, D., BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v.124, p.979-993, 1990.

KIRKPATRICK, M., HILL, W.G., THOMPSON, R. Estimating the covariance structure of traits during growth and aging, illustrated with lactations in dairy cattle. **Genetic and Molecular Research**, v. 64, p. 57-69, 1994.

KOOTS, K.R., GIBSON, J.P., SMITH, C., Wilton, J.W. Analyses of published genetic parameters estimates for beef production traits. 1. Heritability. **Animal Breeding Abstracts**, v.62, p.309-338, 1994.

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

MELLO, S.P., ALENCAR, M.M., TORAL, F.L.B., GIANLORENÇO, V.K. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento e produtividade em vacas da raça Canchim, utilizando-se inferência bayesiana. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.1, p.92-97, 2006.

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

MEYER, K. Estimating covariances functions for longitudinal data using a random regression model. **Genetics Selection Evolution**, v.30, p.221-240, 1998a.

MEYER, K. Modeling 'repeated' records: covariance functions and random regression models to analyze animal breeding data. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6, 1998, Armidale. **Proceedings...** Armidale, 1998b, v.25, p.517-520.

MEYER, K. Estimates of genetics and phenotypic covariance functions for post weaning growth and mature weight of beef cows. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.116, p.181-203, 1999.

MEYER, K. Estimates of direct and maternal covariance functions for growth Australian beef calves from birth to weaning. **Genetics Selection Evolution**, v.33, p.487-514, 2001.

MEYER, K.; JOHNSTON, D.; GRASER, H. Estimates of the complete genetic covariance matrix for traits in multi-trait genetic evaluation of Australian Hereford cattle. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.55, p.195-210, 2004.

MONTAÑO-BERMUDEZ, M., NIELSEN, M.K., DEUTSCHER, G.H. Energy requirements for maintenance of crossbred beef cattle with different genetic potential for milk. **Journal of Animal Science**, v.68, n.8, p.2279-2288, 1990.

NOBRE, P.R.C., MISZTAL, I., TSURUTA, S., BERTRAND, J.K., SILVA, L.O.C., LOPES, P.S. Analyses of growth curves of Nelore cattle by multiple-trait and random regression model. **Journal of Animal Science**, v.81, n.4, p.918-926, 2003.

ROSA, A.N., LÔBO, R.B., OLIVEIRA, H.N., BORJAS, A.R. Variabilidade genética do peso adulto de matrizes em um rebanho Nelore do estado de São Paulo. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.1706-1711, 2000.

ROSA, A.N., LÔBO, R.B., OLIVEIRA, H.N., BEZERRA, L.A.F., BORJAS, A.R. Peso adulto de matrizes em rebanhos de seleção da raça Nelore no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.3, p.1027-1036, 2001. (suplemento 1)

SAKAGUTI, E.S., SILVA, M.A., QUAAS, R.L., MARTINS, E.N., LOPES, P.S., SILVA, L.O.C. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por

meio de análises de funções de covariâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4, p.864-874, 2003.

SCARPEL, L.C.P. **Estimativas de parâmetros e valores genéticos para peso corporal de bovinos da raça Guzerá usando-se regressão aleatória**. Jaboticabal, 2004, 71p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento Animal) - Universidade Estadual Paulista, Campus de Jaboticabal, 2004.

SILVA, A.M., ALENCAR, M.M., FREITAS, A.R., BARBOSA, R.T., BARBOSA, P.F., OLIVEIRA, M.C.S., CORREA, L.A., NOVAES, A.P., TULLIO, R.R. Herdabilidades e correlações genéticas para peso e perímetro escrotal de machos e características reprodutivas e de crescimento de fêmeas, na raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.2223-2230, 2000.

TALHARI, F.M., ALENCAR, M.M., MASCIOLI, A.S., SILVA, A.M., BARBOSA, P.F. Correlações genéticas entre características produtivas de fêmeas em um rebanho da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4, p.880-886, 2003.

TAYLOR, C.S. Use of genetic size-scaling in evaluation of animal growth. **Journal of Animal Science**, v.61, p.118-143, 1985. (Suplemento 2).

CAPÍTULO 2- HERDABILIDADES E CORRELAÇÕES ENTRE PESOS DO NASCIMENTO À IDADE ADULTA EM REBANHOS DA RAÇA NELORE

Herdabilidades e Correlações entre Pesos do Nascimento à Idade Adulta em Rebanhos da Raça Nelore

RESUMO- Dados de 19.458 animais da raça Nelore, participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN), foram utilizados para estimar componentes de (co)variância, herdabilidade e correlações genéticas do peso ao nascimento (PN), à desmama (PD), ao sobreano (PS) e aos 2 (P2A), 3 (P3A) e 5 (P5A) anos de idade. Utilizou-se o método da máxima verossimilhança restrita, em análises uni, bi e multicaracterística, com modelos que incluíram o efeito genético aditivo direto, como aleatório, além dos efeitos fixos de grupo de contemporâneos, idade do animal à pesagem (com exceção do modelo para PN) e idade da mãe ao parto. O efeito aleatório de ambiente permanente materno também foi incluído nos modelos de análise do PN, PD e PS, e o genético materno somente no modelo do PD. As herdabilidades estimadas, em análise multicaracterística, para PN, PD, PS, P2A, P3A e P5A foram 0,25; 0,33; 0,34; 0,32; 0,33 e 0,35, respectivamente. As correlações genéticas estimadas entre os pesos foram positivas e de moderadas a altas magnitudes, com tendência de diminuição de acordo com o aumento da distância entre as pesagens, indicando que a seleção para peso em qualquer idade deverá promover mudança genética nos pesos nas demais idades, inclusive no peso adulto de fêmeas. As herdabilidades estimadas na análise multicaracterística foram superiores, sobretudo para P3A e P5A, sugerindo melhor partição das variâncias genética e residual em comparação às análises uni e bicaracterísticas, porém, a alta demanda de recursos computacionais em análises de muitas características pode dificultar o uso destas em grandes bancos de dados.

Palavras-chave: bovino de corte, correlação genética, peso adulto, peso corporal

Introdução

A tendência atual do mercado é buscar animais com maior velocidade de crescimento, pois estes permanecem menos tempo nas pastagens ou confinamentos, encurtando o ciclo de produção, o que possibilita maior retorno econômico. Assim, a seleção de animais que apresentam maiores pesos em idades jovens é uma prática comum nos programas de melhoramento de bovinos de corte. Nos últimos anos, a seleção para maiores pesos, ou ganhos em peso, em idades jovens, tem sido questionada com argumento de que este critério pode trazer, como conseqüência, o aumento do peso adulto dos animais, acarretando maiores custos de manutenção das matrizes, o que poderia reduzir as vantagens econômicas obtidas pelo aumento de peso dos animais de abate (BULLOCK et al., 1993).

Os registros de peso adulto em um programa de melhoramento genético se constituem em amostra bastante selecionada e estão sujeitos aos efeitos de seleção, já que são obtidos apenas em parte dos animais nascidos, geralmente, nas fêmeas em reprodução. Nesse contexto, as análises unicaracterísticas pressupõem que o descarte dos animais foi aleatório, enquanto que as análises multicaracterísticas levam em conta o descarte não-aleatório, explorando as correlações genéticas e ambientais entre uma medida tomada antes da seleção dos animais e pesos adultos medidos subsequente (MEYER, 1995; KAPS et al., 1999) sendo, dessa forma, uma alternativa para avaliação genética do peso adulto (MERCADANTE et al., 2004).

Visando estimar parâmetros genéticos para características de crescimento, ALBUQUERQUE & MEYER (2001), NOBRE et al. (2003) e DIAS et al. (2005) relataram maior herdabilidade para o peso ao nascer (0,26 a 0,33), diminuição nas estimativas até próximo ao período da desmama (0,11 a 0,16) e, posteriormente, aumento dessas conforme a idade (0,21 a 0,25 para peso aos 570 dias de idade e, 0,20 para peso aos 683 dias de idade). Os estudos disponíveis sobre peso adulto de *Bos indicus* sugerem a existência de

variabilidade genética suficiente para obtenção de mudança genética em programas de melhoramento (ROSA et al., 2001; TALHARI et al., 2003; MERCADANTE et al., 2004; PEDROSA et al., 2006), seja com objetivo de diminuir, aumentar, ou mantê-lo constante. Porém, observa-se uma lacuna de pesquisas sobre peso adulto nas raças zebuínas em condições brasileiras, desde abordagens sobre que pesos devem ser considerados em uma avaliação genética, até a magnitude das correlações com pesos e ganhos em peso obtidos em idades jovens.

Os objetivos do presente estudo foram estimar herdabilidades e correlações genéticas para pesos do nascimento à idade adulta (peso ao nascer, à desmama, ao sobreano e aos 2, 3 e 5 anos de idade) para animais da raça Nelore, em modelos uni, bi e multicaracterística, com a finalidade de fornecer subsídios a programas de melhoramento genético da raça Nelore que fazem seleção para características de crescimento.

Material e Métodos

Foram utilizados dados de 19.458 animais da raça Nelore, nascidos entre 1975 e 2002, pertencentes a 8 fazendas participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN), que teve início em 1987. Os animais participantes, além de serem identificados de forma a garantir as informações de genealogia, são submetidos a pesagens a cada 90 dias, do nascimento ao sobreano e, aqueles que permanecem nos rebanhos como reprodutores continuam sendo pesados rotineiramente nesse intervalo. Neste conjunto de dados, os nascimentos ocorreram durante o ano todo, com maior concentração na primavera e no verão e, os animais foram desmamados, em média, aos 240 dias de idade. Do conjunto total de dados disponibilizados, foram mantidos apenas os pesos de animais: produtos de inseminação artificial, criados em pastagem sem suplementação e que foram amamentados por suas mães biológicas. Foram mantidos pesos ao nascer iguais ou superiores a 24 kg.

As características avaliadas foram: peso ao nascimento (PN), à desmama (PD), ao sobreano (PS) e aos 2 (P2A), 3 (P3A) e 5 (P5A) anos de idade. Sempre foram tomadas as pesagens mais próximas e essas idades, num intervalo que variou de 180 a 300 dias para PD (240 dias de idade); 490 a 610 dias para PS (550 dias de idade); 650 a 810 dias para P2A (2 anos de idade); 2,5 a 3,5 anos para P3A (3 anos de idade) e 4,5 a 5,5 anos para P5A (5 anos de idade). Foram excluídos registros de pesos fora dos intervalos dados pela média do grupo de contemporâneos mais ou menos três desvios-padrão. Como sugerido por SILVA et al. (2000) e ROSA et al. (2001), o peso mais próximo aos 5 anos de idade foi considerado como indicativo do peso adulto.

Foram consideradas quatro estações de nascimento, agrupando-se os meses de dezembro a fevereiro (estação 1), março a maio (estação 2), junho a agosto (estação 3) e setembro a novembro (estação 4). Os grupos de contemporâneos utilizados nas análises foram constituídos por animais nascidos na mesma fazenda, ano e estação e pertencentes ao mesmo sexo. Para P3A e P5A não foi considerado o sexo no grupo de contemporâneos, uma vez que foram analisadas somente informações de fêmeas. Grupos de contemporâneos com menos de 4 observações foram excluídos. A estrutura geral do arquivo de dados analisado apresenta-se descrita na Tabela 1.

Tabela 1- Descrição dos dados de peso ao nascimento (PN), à desmama (PD), ao sobreano (PS) e aos 2 (P2A), 3 (P3A) e 5 (P5A) anos de idade

Descrição	PN	PD	PS	P2A	P3A	P5A
Observações	635	18.770	14.242	5.378	1.561	1.222
Touros	27	515	496	373	180	190
Vacas	397	8.546	7.382	3.756	1.115	966
GC	55	490	411	249	114	115

GC (grupo de contemporâneos)

Inicialmente, foram considerados pesos em nove idades diferentes (nascimento, desmama, ano, sobreano e aos 2, 3, 4, 5 e 6 anos de idade) na análise multicaracterística, porém, alguns pesos tiveram que ser retirados pelo fato de, após um determinado número de iterações, as matrizes tornavam-se não positiva-definidas.

Os modelos utilizados incluíram os efeitos genético aditivo direto, genético aditivo materno (somente para PD), de ambiente permanente materno (PN, PD e PS) e residual como aleatórios, além dos efeitos fixos de grupo de contemporâneos e os efeitos linear e quadrático da idade do animal à pesagem (com exceção do PN) e da idade da mãe ao parto. Em todas as análises, foi utilizado um arquivo de genealogia contendo identificação do animal, pai e mãe, totalizando 26.924 animais na matriz de parentesco, considerando todas as relações de parentesco disponíveis (até 16 gerações).

Os componentes de variância foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) em análises uni, bi e multicaracterística. As análises bicaracterísticas foram realizadas sempre com o peso à desmama (PD) com objetivo de minimizar os efeitos da seleção seqüencial. Para as análises uni e bicaracterísticas foi utilizado o *software* MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995) e para a análise multicaracterística foi usado o programa REMLF90 (MISZTAL, 2001), que empregou o algoritmo de Maximização da Esperança (EM), com processo de aceleração da convergência. Admitiu-se que a convergência era atingida quando o quadrado das diferenças relativas entre estimativas consecutivas era menor que 10^{-9} .

Resultados e Discussão

O número de observações e as médias de peso nas diferentes idades são apresentados na Figura 1. O menor número de observações, obtidos principalmente a partir do sobreano, se deve ao fato dos animais serem selecionados da desmama ao sobreano e, a partir dessa idade, terem

permanecido nos rebanhos somente aqueles usados como reprodutores. A primeira monta das fêmeas ocorre, em média, aos 24 meses de idade, sendo que, as que não emprenham na estação de monta ou desmamam bezerros muito leves são descartadas.

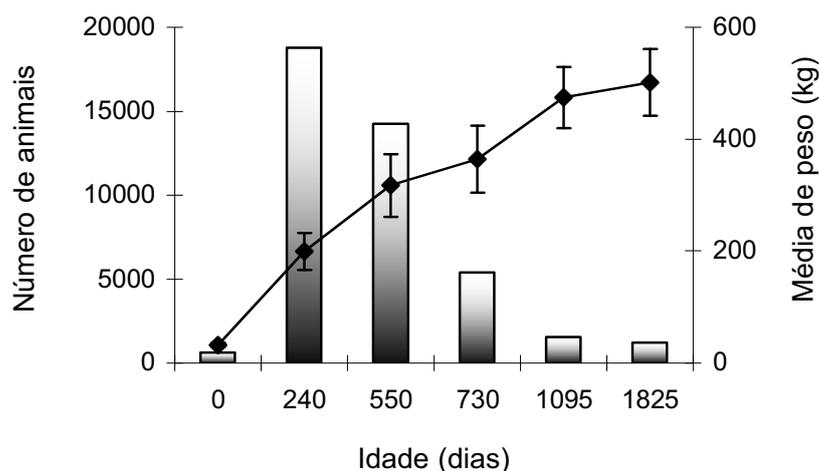


Figura 1- Número de animais (barras), média e desvio-padrão de pesos (linhas), por idade.

As médias de peso variaram de 32 kg ao nascimento até 514 kg aos cinco anos de idade (Figura 1). Observou-se aumento praticamente linear do peso de acordo com a idade do animal até a desmama e, após este período, pequena redução na taxa de ganho em peso. A tendência de continuar ganhando peso até os cinco anos de idade também foi relatada por MERCADANTE et al. (2004), para fêmeas da raça Nelore. Estudando, curva de crescimento de fêmeas da raça Nelore, FORNI et al. (2007) observaram que o peso à maturidade foi atingido aos 4 anos.

As estimativas de variâncias obtidas em análises uni, bi e multicaracterística são mostradas na Figura 2. As estimativas de variância genética aditiva nas análises bi e multicaracterística foram superiores às estimadas em análises unicaracterísticas, principalmente, para os pesos a partir do sobreano. Este

aumento na diferença do componente de variância genético aditivo nos diferentes modelos reflete a remoção do vício devido à seleção (MEYER, 1995) que ocorre com os modelos bi e multicaracterísticas. Nos rebanhos que geraram os dados analisados, a seleção foi praticada com base nos pesos da desmama ao sobreano, portanto, estas informações são essenciais para análise de caracteres obtidos após esta idade, como o peso adulto. Segundo MEYER (1995) e KAPS et al. (1999), em rebanhos em que há, por razões econômicas, uma pré-seleção ao desmame, e a seleção propriamente dita ao ano ou sobreano, estes dados devem ser incluídos nas análises do peso adulto para levar em conta o efeito da seleção.

Os resultados do presente trabalho concordam com os relatados por MERCADANTE et al. (2004), os quais observaram aumento na estimativa da variância genética aditiva do peso adulto quando avaliado em análise tricaracterística com os pesos à seleção (ao ano e ao sobreano). Do mesmo modo, avaliando pesos ao nascimento, desmama, ao ano e à maturidade, MEYER et al. (1993) observaram aumento nas estimativas da variância genética aditiva em análises envolvendo três ou quatro pesos simultaneamente, em relação às análises unicaracterísticas.

As contribuições das variâncias atribuídas ao ambiente permanente materno para a variância fenotípica apresentaram-se mais expressivas em animais jovens, as quais, em análise multicaracterística, foram de 18, 6 e 0,5% para PN, PD e PS, respectivamente (Figura 2). Este resultado se deve ao fato dos pesos obtidos até a desmama serem mais influenciados pelo efeito materno (MEYER et al., 1993; MUCARI et al., 2003 e DIAS et al., 2005). Semelhante ao obtido no presente estudo, ALBUQUERQUE & MEYER (2001) observaram, em animais da raça Nelore, que as estimativas de variância de ambiente permanente materno aumentaram até os 150 dias de idade, mantendo-se praticamente constantes até os 240 dias, diminuindo após esta idade.

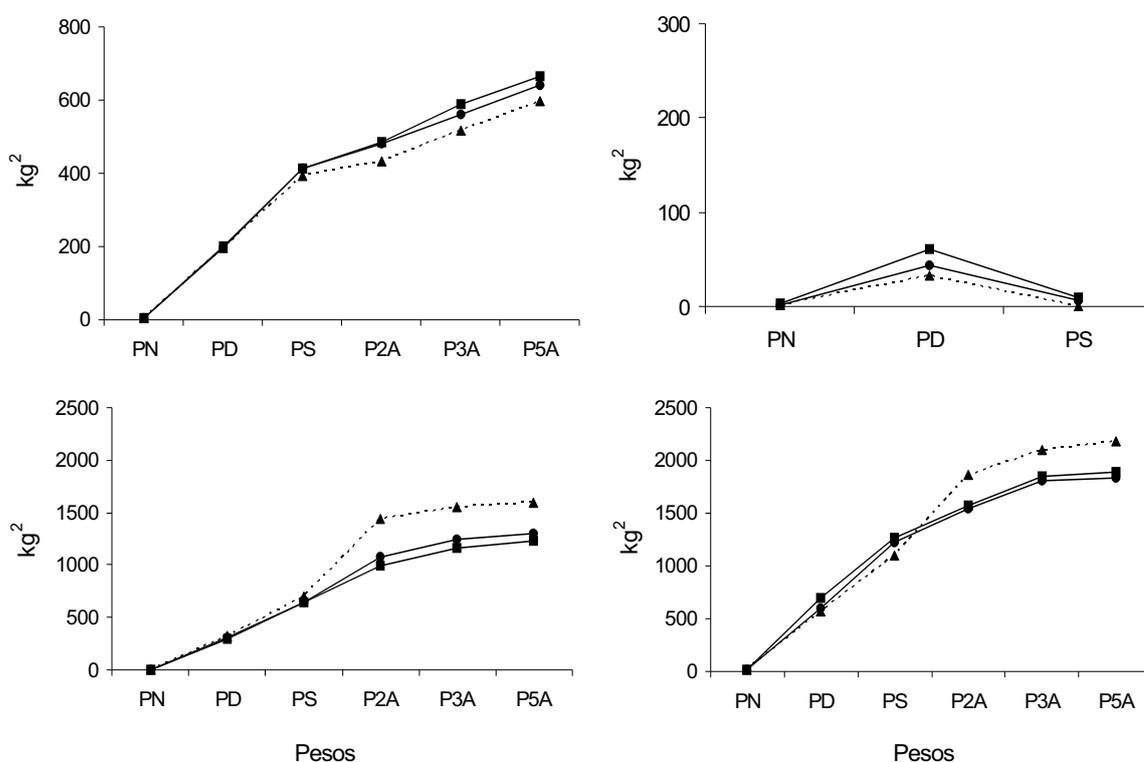


Figura 2- Variâncias genética aditiva (acima à esquerda), de ambiente permanente materno (acima à direita), residual (abaixo à esquerda) e fenotípica (abaixo à direita) estimadas em análises unicaracterística (▲), bicaracterística (●) e multicaracterística (■), para peso ao nascer (PN), a desmama (PD), ao sobreano e aos 2 (P2A), 3 (P3A) e 5 (P5A) anos de idade

As estimativas da variância residual para os pesos pós-desmama foram superiores nas análises unicaracterísticas, comparativamente às estimadas em modelos bi e multicaracterística (Figura 2). As estimativas de variância residual obtidas nas análises uni, bi e multicaracterística foram semelhantes para os pesos do nascimento ao sobreano. A partir do sobreano, houve um aumento nas diferenças entre as estimativas das variâncias residuais nos modelos bi e multicaracterística em relação ao unicaracterística. Este resultado indica a

importância da inclusão de pesos utilizados como critérios de seleção em análises de pesos obtidos em idades posteriores, como é o caso do peso adulto.

Para o PN e PD, a diferença das variâncias fenotípicas nos modelos uni e bicaracterística foram pequenas mas, a partir dos 2 anos de idade, observam-se maiores diferenças entre esses dois modelos (Figura 2). Isto pode refletir o fato da variância fenotípica, a partir desta idade, ser dependente das variâncias genética aditiva e residual, sem efeitos maternos. Pode-se observar ainda que, mesmo havendo um incremento no valor da estimativa de variância genética aditiva nos modelos bi e multicaracterística devido à recuperação de parte da variância perdida devido à seleção, houve uma redução mais expressiva na variância residual, assim, a variância fenotípica estimada foi inferior em tais modelos.

Na Figura 3 estão descritas as estimativas de herdabilidade para pesos do nascimento aos 5 anos de idade, utilizando modelos uni, bi e multicaracterística. Com a utilização do modelo multicaracterística, as herdabilidades estimadas foram de 0,25 (PN), 0,33 (PD), 0,34 (PS), 0,32 (P2A), 0,33 (P3A) e 0,35 (P5A). Utilizando pesos de bovinos das raças Hereford e Wokalup em análise multicaracterística, MEYER et al. (1993) relataram maior herdabilidade para o peso ao nascer (0,44) e menor o para peso à desmama (0,19).

A herdabilidade estimada para o peso ao nascimento está abaixo das relatadas para bovinos criados no Brasil, as quais variam de 0,26 a 0,37 (ALBUQUERQUE & MEYER, 2001; SAKAGUTI et al., 2003; DIAS et al., 2005). A baixa herdabilidade estimada no presente estudo pode ser atribuída ao menor número de observações disponíveis nessa idade, o que dificultou a estimação da variabilidade genética aditiva presente na população para esta característica. Já a herdabilidade estimada para PD está de acordo com os valores descritos na literatura para bovinos de raças zebuínas, os quais variam de 0,23 a 0,45 (FERRAZ FILHO et al., 2002; SAKAGUTI et al., 2003; TALHARI et al., 2003).

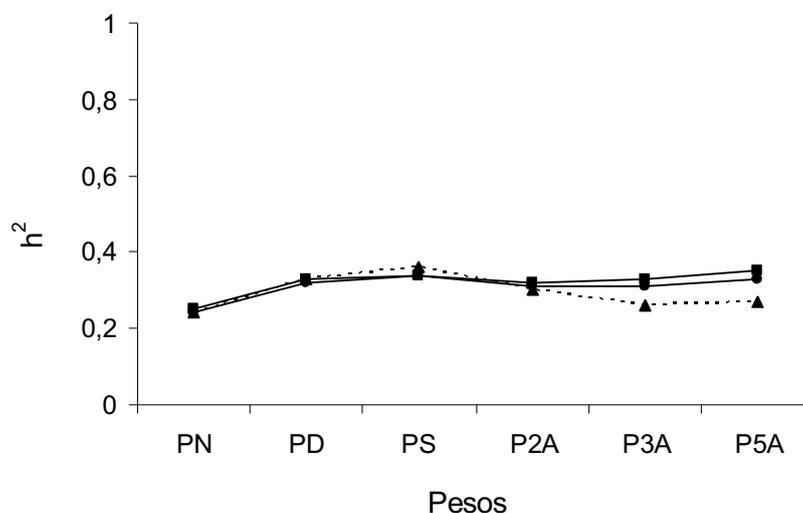


Figura 3- Estimativas de herdabilidade (h^2) para peso ao nascer (PN), a desmama (PD), ao sobreano (PS) e aos 2 (P2A), 3 (P3A) e 5 (P5A) anos de idade, obtidas em análises unicaracterística (▲), bicaracterística (●) e multicaracterística (■)

De modo semelhante, as estimativas de herdabilidade do efeito genético materno para PD foram semelhantes nas análises realizadas, sendo de 0,16 (uni e bicaracterística) e 0,14 (multicaracterística), próximas à amplitude de 0,11 a 0,14 descrita na literatura (ALBUQUERQUE & MEYER, 2001; NOBRE et al., 2003; DIAS et al., 2005). Segundo DIAS et al. (2005), a não inclusão dos efeitos maternos nos modelos de análise para PD pode fazer com que parte da variância genética materna seja incluída na variância do efeito genético direto, resultando na superestimação desse efeito.

As herdabilidades estimadas para pesos após o sobreano foram superiores nas análises bi e multicaracterística (Figura 3). Como o peso à desmama é o que contém a maior parte das informações que determinam a seleção, já que não há seleção até essa idade, análises bicaracterísticas com o peso aos 240 dias de idade ou análise multicaracterística são mais apropriadas para avaliações de pesos pós-desmama, uma vez que, conseguem remover parte do viés causado

pelo efeito da seleção. MEYER (1995) e KAPS et al. (1999) também observaram aumento substancial nas herdabilidades para peso final e adulto, respectivamente, quando medidas tomadas antes da seleção eram incluídas nas análises multicaudísticas. Portanto, com análises multicaudísticas estimam-se as variâncias genética aditiva e residual para cada idade levando em conta as correlações entre todas as idades, ou seja, do nascimento aos 5 anos.

Em geral, as estimativas de herdabilidade direta obtidas para pesos em diferentes idades neste estudo foram de magnitude moderada, indicando que, parte considerável da variação entre os animais, para estas características, é decorrente das diferenças no mérito genético dos animais; desse modo, os pesos do nascimento à idade adulta podem responder de forma eficiente à seleção individual.

Cabe ressaltar que, estimativas de parâmetros para pesos aos 2, 3 e 5 anos de idade, principalmente em *bos indicus*, são escassos na literatura. ROSA et al. (2001) relataram herdabilidade de 0,26 para peso adulto de fêmeas Nelore, o qual foi definido como o primeiro peso a partir dos 4 anos de idade. Considerando o peso na entrada da estação de monta a cada ano como indicador de peso adulto de matrizes Nelore, MERCADANTE et al. (2004) estimaram herdabilidade de 0,34 (incluindo vacas de 2 e 3 anos de idade) e 0,42 (considerando somente vacas a partir de 4 anos de idade), em análises multicaudísticas. Para animais da mesma raça, PEDROSA et al. (2006) estimaram herdabilidade para peso adulto de 0,43 e 0,41, sendo este definido como uma medida única do peso mais próximo aos 6 anos de idade e medidas repetidas de pesos a partir dos 3 anos de idade, respectivamente.

As correlações genéticas e residuais estimadas entre os pesos do nascimento à idade adulta, obtidas na análise multicaudística, estão apresentadas na Tabela 2. As correlações genéticas estimadas entre o peso ao nascer e pesos até os dois anos de idade foram positivas, de moderadas a altas magnitudes, com tendência de diminuição após esse período. Portanto, a seleção baseada em pesos obtidos em idades jovens pode levar ao aumento do peso ao

nascer e ter, como consequência, aumento da incidência de partos distócicos a médio prazo.

Tabela 2- Estimativas das correlações genéticas (acima da diagonal), residuais (abaixo da diagonal) e herdabilidades (diagonal principal) entre as características de crescimento, obtidas em análise multicaracterística

	PN	PD	PS	P2A	P3A	P5A
PN	0,25	0,81	0,74	0,61	0,54	0,43
PD	0,27	0,33	0,82	0,69	0,65	0,63
PS	0,26	0,41	0,34	0,85	0,69	0,66
P2A	0,19	0,32	0,37	0,32	0,71	0,74
P3A	0,12	0,24	0,28	0,31	0,33	0,88
P5A	0,10	0,19	0,17	0,26	0,39	0,35

PN (peso ao nascer); PD (peso ao desmame); PS (peso ao sobreano); P2A (peso aos 2 anos de idade); P3A (peso aos 3 anos de idade) e P5A (peso aos 5 anos de idade)

As correlações genéticas estimadas entre PD, PS e P2A foram altas e positivas, indicando que a maior parte dos genes responsáveis por maiores pesos da desmama aos dois anos de idades são os mesmos. Tais resultados estão de acordo com os descritos por FERRAZ FILHO et al. (2002), MALHADO et al. (2002) e SANTOS et al. (2005), os quais variaram de 0,61 a 0,83 entre PD e PS. Em análise multicaracterística, MEYER et al. (1993) estimaram correlação genética de 0,92 entre PD e peso ajustado aos 600 dias de idade. Por outro lado, trabalhando com pesos às mesmas idades que as desse estudo, MUCARI et al. (2003) relataram correlações genéticas inferiores.

As correlações genéticas estimadas entre pesos obtidos em idades jovens com peso adulto variaram de moderadas a altas. Para animais da raça Hereford, MEYER et al. (2004) estimaram correlações genéticas entre PN, PD e PS com o peso adulto de 0,62; 0,49 e 0,77, respectivamente. De modo semelhante, BULLOCK et al. (1993) obtiveram estimativas de correlações genéticas de 0,64,

0,80 e 0,89 entre o peso adulto e PN, PD e peso ao ano, respectivamente. Observa-se que, em geral, as correlações genéticas são maiores entre pesos adjacentes, apresentando redução à medida que as idades vão se distanciando. Os valores de correlações genéticas sugerem que, grande parte dos animais geneticamente superiores em uma determinada idade deverão ser superiores também nas idades posteriores, principalmente, a partir da desmama.

Na comparação empírica de modelos uni, bi e multicaracterística utilizados para avaliar pesos do nascimento à idade adulta, o modelo multicaracterística parece ser o mais indicado quando o objetivo for avaliação genética do peso adulto. Entretanto, uma das limitações na utilização de modelo multicaracterística é que nem sempre podem ser analisados pesos em todas as idades disponíveis, uma vez que esse procedimento requer alta demanda computacional o que pode inviabilizar a utilização desta metodologia em sistemas de avaliação genética que fazem uso de grandes bancos de dados.

De modo geral, as correlações genéticas estimadas para pesos medidos em idades jovens *versus* pesos em idades mais avançadas podem ser consideradas de relevante valor prático uma vez que, o peso adulto estaria sendo sujeito a aumentos acentuados, como resposta à seleção para maiores pesos em idades mais jovens, o que vem sendo praticado em gado de corte. Esses resultados reforçam a preocupação atual com o tamanho adulto das matrizes para a maioria das raças bovinas de corte, uma vez que, segundo alguns estudos, existe correlação genética baixa, porém desfavorável, entre peso adulto e características reprodutivas (WINKLER et al., 1993; MEYER et al., 2004; MELLO et al., 2006). Outros estudos são necessários para investigar quais pesos devem ser considerados como critério de seleção quando se tem por objetivo manter constante o peso adulto das matrizes.

Conclusões

A seleção com base em características de crescimento em qualquer idade pode promover ganhos genéticos consideráveis no peso corporal de animais da raça Nelore, em todas as idades-padrão, inclusive nos pesos ao nascer e adulto das fêmeas.

O modelo multicaracterística, incluindo registros de pesos ao desmame e à seleção é o mais indicado para a avaliação genética de pesos pós-desmama.

Referências Bibliográficas

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

BOLDMAN, K.G., KRIESE, L.A., VAN VLECK, L.D., VAN TASSEL, C.P., KACHMAN, S.D. **A manual for use of MTDFREML**: a set of programs to obtain estimates of variance and (co)variance (DRAFT). Lincoln: Department of Agriculture/ARS, 1995. 120p.

BULLOCK, K.D.; BERTRAND, J.K.; BENYSHERK, L.L. Genetic and environmental parameters for mature weight and other growth measures in Polled Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, v.71, n.7, p.1737- 1741, 1993.

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

FERRAZ FILHO, P.B., RAMOS, A.A., SILVA, L.O.C., SOUZA, J.C., ALENCAR, M.M. Herdabilidade e correlações genéticas, fenotípicas e ambientais para pesos em diferentes idades de bovinos da raça Tabapuã. **Archives of Veterinary Science**, v.7, n.1, p.65-69, 2002.

FORNI, S., PILES, M., BLASCO, A., VARONA, L., OLIVEIRA, H.N., LOBO, R.B., ALBUQUERQUE, L.G. Analysis of beef cattle longitudinal data applying a non-linear model. **Journal of Animal Science**, v.85, p.3189-3197, 2007.

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

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

MALHADO, C.H.M., SOUZA, J.C., SILVA, L.O.C., FERRAZ FILHO, P.B. Correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente entre os pesos de várias idades em bovinos da raça Guzerá no estado de São Paulo. **Archives of Veterinary Science**, v.7, n.1, p.71-75, 2002.

MELLO, S.P., ALENCAR, M.M., TORAL, F.L.B., GIANLORENÇO, V.K. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento e produtividade em vacas da raça Canchim, utilizando-se inferência bayesiana. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.1, p.92- 97, 2006.

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

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

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

MEYER, K., JOHNSTON, D., GRASER, H. Estimates of the complete genetic covariance matrix for traits in multi-trait genetic evaluation of Australian Hereford cattle. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.55, p.195-210, 2004.

MISZTAL, I. [2001]. REMLF90 Manual. Disponível em: <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html/>. Acesso em 06/04/2007.

MUCARI, T.B., OLIVEIRA, J.A. Análise genético-quantitativa de pesos aos 8, 12, 18 e 24 meses de idade em um rebanho da raça Guzerá. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.6, p.1604-1613, 2003.

NOBRE, P.R.C., MISZTAL, I., TSURUTA, S., BERTRAND, J.K., SILVA, L.O.C., LOPES, P.S. Analyses of growth curves of Nelore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal of Animal Science**, v.81, p.918-926, 2003.

PEDROSA, V.B., ELER, J.P., SILVA, J.A. II V. Heritability estimation for mature weight in Nelore cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2006, Belo Horizonte, **Anais...** Belo Horizonte: WCGALP, 2006.

ROSA, A.N., LÔBO, R.B., OLIVEIRA, H.N., BORJAS, A.R. Variabilidade genética do peso adulto de matrizes em um rebanho Nelore do estado de São Paulo. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.1706- 1711, 2000.

ROSA, A.N., LÔBO, R.B., OLIVEIRA, H.N., BEZERRA, A.F., BORJAS, A.R. Peso adulto de matrizes em rebanhos de seleção da raça Nelore no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.3, p.1027-1036, 2001.

SAKAGUTI, E.S., SILVA, M.A., QUAAS, R.L., MARTINS, E.N., LOPES, P.S., SILVA, L.O.C. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por meio de análises de funções de covariância. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4, p.864- 874, 2003.

SANTOS, P.F., MALHADO, C.H.M.M., CARNEIRO, P.L.S., MARTINS FILHO, R., AZEVÊDO, D.M.M.R., CUNHA, E.E., SOUZA, J.C.; FERRAZ FILHO, P.B. Correlação genética, fenotípica e ambiental em características de crescimento de

bovinos da raça Nelore variedade mocha. **Archives of Veterinary Science**, v.10, n.2, p.55-60, 2005.

SILVA, A.M., ALENCAR, M.M., FREITAS, A.R., BARBOSA, R.T., BARBOSA, P.F., OLIVEIRA, M.C.S., CORRÊA, L.A., NOVAES, A.P., TULLIO, R.R. Herdabilidades e correlações genéticas para peso e perímetro escrotal de machos e características reprodutivas e de crescimento de fêmeas, na raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.2223-2230, 2000.

TALHARI, F.M., ALENCAR, M.M., MASCIOLI, A.S., SILVA, A.M., BARBOSA, P.F. Correlações genéticas entre características produtivas de fêmeas em um rebanho da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4, p.880-886, 2003.

WINKLER, R., PENNA, V.M., PEREIRA, C.S., MADALENA, F.E. Estudo das relações entre o tamanho corporal e algumas características reprodutivas em fêmeas bovinas adultas da raça Guzerá. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 30, 1993, Rio de Janeiro, **Anais...** Rio de Janeiro: SBZ, 1993, p.292.

CAPÍTULO 3- MODELOS PARA AVALIAÇÃO GENÉTICA DO PESO ADULTO DE FÊMEAS NELORE

Modelos para avaliação genética do peso adulto de fêmeas Nelore

RESUMO- Com objetivo de estimar parâmetros genéticos para peso adulto foram analisados dados de 18.770 animais da raça Nelore, nascidos entre 1975 e 2002, pertencentes a 8 fazendas participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN). O peso adulto foi considerado como sendo o peso mais próximo aos 4,5 anos de idade de fêmeas, considerando uma única medida a partir de 2 (P2A_U), 3 (P3A_U) e 4 (P4A_U) anos de idade ou como registros repetidos de pesos a partir de 2 (P2A_R), 3 (P3A_R) e 4 (P4A_R) anos de idade. Os componentes de variância foram estimados por máxima verossimilhança restrita, ajustando modelo animal unicaracterística e bicaracterística, incluindo peso à desmama. As estimativas de herdabilidade obtidas foram 0,30; 0,34 e 0,36 para P2A_U, P3A_U, P4A_U e 0,41; 0,44 e 0,46 para P2A_R, P3A_R e P4A_R, respectivamente. As estimativas de repetibilidade para P2A_R, P3A_R e P4A_R foram de 0,59; 0,64 e 0,72, respectivamente. Maiores valores de acurácia associados aos valores genéticos foram obtidos nas análises com medidas repetidas em relação aos modelos com medida única. Há evidências que o emprego de modelos bicaracterísticas incluindo registros repetidos de peso a partir dos 3 anos de idade e algum peso anterior à seleção, como o peso à desmama, seja mais apropriado para a avaliação genética do peso adulto.

Palavras-chave: bovinos de corte, crescimento, correlação genética, repetibilidade

Introdução

No Brasil, os programas de melhoramento genético para raças bovinas de corte têm priorizado a seleção para características de crescimento, como o peso ou ganho em peso em determinadas idades. Essas características, apesar de serem de fácil obtenção e de apresentarem herdabilidades de média a alta magnitude, respondendo bem à seleção, apresentam correlação genética positiva com o peso adulto (MEYER, 1995; SILVA et al., 2000 e MEYER et al., 2004). Portanto, rebanhos em que os animais são selecionados para maiores pesos em idades jovens estão sujeitos ao aumento no peso adulto das matrizes.

Nas últimas décadas tem se discutido sobre as conseqüências do aumento indiscriminado do tamanho da vaca sobre a produtividade do rebanho. Existem evidências que a energia necessária para atingir e manter o peso adulto da vaca representa o maior custo no sistema de produção de carne. Os animais de grande porte podem ser mais eficientes em ambientes com fartura de alimentos, entretanto, em ambientes com restrições, principalmente nutricionais, devem ser preferidos os animais de porte médio (JENKINS & FERREL, 1994).

Neste contexto, a inclusão de informações de peso adulto nos índices de seleção é uma das formas de manter o tamanho adulto desejável. Entretanto, existem limitações na utilização de tais medidas em avaliações genéticas devido, principalmente, à escassez de registros de peso a partir de dois anos de idade e de informações quanto a melhor forma de considerar tais registros.

Entre os trabalhos relatando parâmetros genéticos para peso adulto, alguns autores utilizaram medida única de peso obtida a partir dos quatro anos de idade (SILVA et al., 2000 e ROSA et al., 2001), medidas repetidas considerando o peso adulto a partir de dois (MEYER, 1995; ARANGO et al., 2002 e MEYER et al., 2004), três (PEDROSA et al., 2006) ou quatro anos de idade (KAPS et al., 1999). MERCADANTE et al. (2004) utilizaram medidas únicas e repetidas de peso obtidas no início da estação de monta enquanto ARANGO & PLASSE (2002) e CHOY et al. (2002) consideraram todos os pesos disponíveis de fêmeas que

entram na estação de monta, obtidos a partir de 2 anos de idade. A utilização de modelos multicaracterísticas, incluindo pesos obtidos antes da seleção, em avaliações genéticas do peso adulto, permite a recuperação de parte da variância genética perdida devido à seleção (MEYER, 1995 e KAPS et al., 1999), enquanto que o uso de medidas repetidas, em contraste com medida única, pode promover um incremento na acurácia dos valores genéticos (MERCADANTE et al., 2004).

O objetivo deste estudo foi avaliar e comparar parâmetros genéticos do peso adulto de fêmeas considerando medida única ou medidas repetidas, incluindo pesos a partir de 2, 3 ou 4 anos de idade, a fim de abordar as várias opções de inclusão dessa característica em avaliações genéticas.

Material e Métodos

Foram utilizados registros de 18.770 animais da raça Nelore, nascidos entre 1975 e 2002, pertencentes a 8 fazendas participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN), programa de avaliação genética que teve início em 1987. Os animais participantes são submetidos a pesagens a cada 90 dias do nascimento ao sobreano e, aqueles que permanecem nos rebanhos como reprodutores, continuam sendo pesados em intervalos de 90 dias. Os nascimentos ocorrem durante o ano todo com maior concentração na primavera e no verão e, os animais são desmamados, em média, aos 240 dias de idade. Do conjunto total de dados disponibilizados, foram mantidos apenas os pesos de animais: produtos de inseminação artificial, criados em pastagem sem suplementação e que foram amamentados por suas mães biológicas.

O peso à desmama (PD) foi definido como o peso mais próximo aos 240 dias de idade, considerando intervalo máximo de 60 dias antes ou depois dessa idade. O peso adulto de fêmeas foi analisado como o peso mais próximo aos 4,5 anos de idade, considerando uma única medida a partir de 2 (P2A_U), 3 (P3A_U)

e 4 (P4A_U) anos de idade. Além disso, registros repetidos de pesos a partir de 2 (P2A_R), 3 (P3A_R) e 4 (P4A_R) anos de idade também foram analisados.

Foram consideradas quatro estações de nascimento ou de pesagem, agrupando-se os meses de dezembro a fevereiro (estação 1), março a maio (estação 2), junho a agosto (estação 3) e setembro a novembro (estação 4). Para PD, o modelo utilizado incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos, além dos efeitos linear e quadrático de idade do animal à pesagem e de idade da vaca ao parto, como covariáveis. Para peso adulto, o modelo incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos, além da idade do animal à pesagem, como covariável (efeito linear e quadrático). O grupo de contemporâneos para PD foi composto por animais nascidos na mesma fazenda, ano e estação e pertencentes ao mesmo sexo, e para o peso adulto por animais nascidos na mesma fazenda e pesados no mesmo ano e estação, sem o efeito de sexo, uma vez que, foram analisadas somente informações de fêmeas. Grupos de contemporâneos com menos de 4 observações foram excluídos. A estrutura geral dos dados é apresentada na Tabela 1.

Tabela 1- Estrutura dos dados

Descrição	PD	P2A_U	P3A_U	P4A_U	P2A_R	P3A_R	P4A_R
Animais	18.770	3.109	2.439	1.896	3.109	2.439	1.896
Registros	18.770	3.109	2.439	1.896	18.999	14.713	11.142
Touros	515	323	306	234	323	306	234
Mães	8.546	2.130	1.671	1.406	2.130	1.671	1.406
GC	490	228	187	166	228	187	166

Peso a desmama (PD); peso a partir de 2 (P2A), 3 (P3A) e 4 (P4A) anos de idade; único peso mais próximo aos 4,5 anos de idade para cada vaca (_U); todos os registros disponíveis para cada vaca, medidas repetidas (_R)

Os componentes de variância foram estimados por máxima verossimilhança restrita usando o software MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995), em análises uni

e bicaracterísticas. Na forma matricial, o modelo geral utilizado para análises do peso adulto pode ser descrito como:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_a\mathbf{a} + \mathbf{Z}_c\mathbf{c} + \mathbf{e},$$

em que \mathbf{y} é o vetor dos caracteres observados; $\boldsymbol{\beta}$, o vetor dos efeitos fixos; \mathbf{a} , o vetor dos efeitos genéticos aditivos diretos; \mathbf{c} , o vetor de efeitos de ambiente permanente do animal; e \mathbf{e} , o vetor de efeitos residuais. \mathbf{X} , \mathbf{Z}_a , e \mathbf{Z}_c são matrizes de incidência relacionando $\boldsymbol{\beta}$, \mathbf{a} e \mathbf{c} a \mathbf{y} . Assumiu-se que $E[\mathbf{y}] = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$; $\text{Var}(\mathbf{a}) = \mathbf{A} \otimes \Sigma_a$, $\text{Var}(\mathbf{c}) = I_{N_A} \otimes \Sigma_c$, e $\text{Var}(\mathbf{e}) = I_{N_o} \otimes \Sigma_e$ em que, Σ_a é a matriz de (co)variâncias genética aditiva entre as características; Σ_c é a matriz de (co)variâncias de ambiente permanente do animal; e Σ_e , a matriz de (co)variâncias residuais; \mathbf{A} , a matriz de parentesco; \mathbf{I} , uma matriz identidade; N_A , o número de animais com registros; N_o , número de observações; e \otimes denota produto direto entre as matrizes. O efeito de ambiente permanente do animal foi incluído somente nas análises de peso adulto utilizando medidas repetidas. Nas análises bicaracterísticas, os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno foram incluídos para PD.

Em todas as análises, foi utilizado um arquivo de genealogia contendo identificação do animal, pai e mãe, totalizando 26.924 animais na matriz de parentesco. Os valores genéticos foram preditos após a convergência, quando a variância dos valores da função $(-2\log L)$ do simplex foi menor que 10^{-9} . Para comparar as predições nas diferentes análises, foram computados coeficientes de correlação de Spearman entre os valores genéticos preditos para o peso adulto nos modelos estudados (P2A_U, P3A_U, P4A_U, P2A_R, P3A_R, P4A_R).

Resultados e Discussão

As médias observadas para os pesos das fêmeas, obtidos dos 2 aos 19 anos de idade e o número de observações são mostrados na Figura 1. O número de observações diminuiu com o aumento da idade. Observa-se que as vacas continuaram a ganhar peso até, aproximadamente, 5 anos de idade. A média do peso de vacas de 5 anos ou mais (470kg) é próxima às relatadas na literatura para vacas adultas da raça Nelore (ROSA et al., 2001 e PEDROSA et al., 2006).

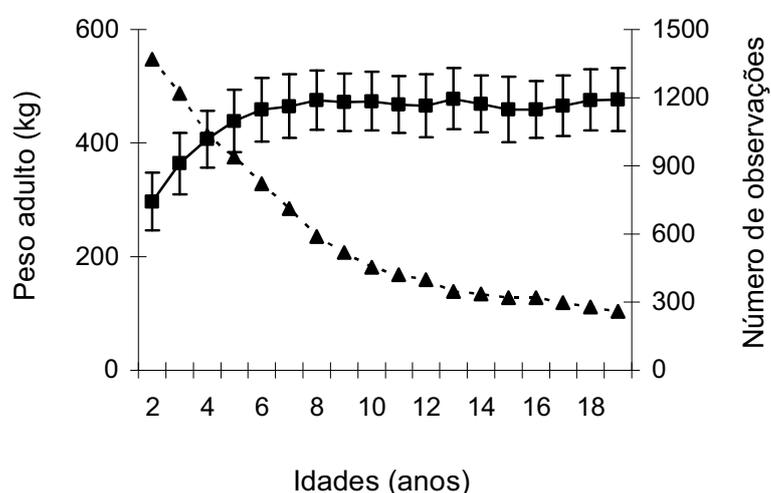


Figura 1- Média (■), desvio-padrão e número de animais (▲) observados para o peso adulto, por classe de idade

Os componentes de variância e parâmetros genéticos estimados para o peso adulto utilizando modelo bicaracterística estão descritos na Tabela 2. Houve aumento na estimativa da variância genética aditiva e diminuição na variância residual utilizando-se pesos a partir dos 4 anos de idade, tanto nas análises de medida única como repetidas. Nessas últimas, a exclusão dos registros de vacas de 2 e 3 anos de idade proporcionou aumento da estimativa da variância de ambiente permanente e, conseqüentemente, aumento da estimativa de

repetibilidade, indicando aumento na correlação entre os registros de pesos repetidos da mesma vaca. Estes aumentos provavelmente ocorreram porque as fêmeas estão perto ou alcançaram o tamanho adulto. Resultados semelhantes foram relatados por MEYER et al. (1995) e MERCADANTE et al. (2004).

As estimativas de repetibilidade nos modelos bicaracterísticas variaram de 0,59 a 0,72, sendo próximas às relatadas na literatura para peso adulto (ARANGO et al., 2002; CHOY et al., 2002; MEYER et al., 2004; PEDROSA et al., 2006).

Tabela 2- Componentes de variância e parâmetros genéticos do peso adulto, estimados em análises bicaracterísticas, com o peso à desmama

Características	σ^2_a	σ^2_c	σ^2_e	h^2	c^2	t
P2A_U	680,28	-	1.587,32	0,30	-	-
P3A_U	799,01	-	1.551,02	0,34	-	-
P4A_U	812,15	-	1.443,82	0,36	-	-
P2A_R	619,47	351,40	670,19	0,41	0,20	0,59
P3A_R	776,11	370,09	643,82	0,44	0,21	0,64
P4A_R	787,29	397,19	487,97	0,46	0,24	0,72

peso a partir de 2 (P2A), 3 (P3A) e 4 (P4A) anos de idade; único peso mais próximo aos 4,5 anos de idade para cada vaca (_U); todos os registros disponíveis para cada vaca, medidas repetidas (_R); variância genética aditiva (σ^2_a); variância de ambiente permanente (σ^2_c); variância residual (σ^2_e); herdabilidade (h^2); proporção da variância total devido ao efeito de ambiente permanente (c^2); repetibilidade (t)

As análises preliminares utilizando modelo unicaracterística mostraram estimativas de herdabilidade e erros-padrão de $0,21 \pm 0,04$, $0,24 \pm 0,05$, $0,26 \pm 0,06$, $0,25 \pm 0,02$, $0,30 \pm 0,03$ e $0,34 \pm 0,04$ para P2A_U, P3A_U, P4A_U, P2A_R, P3A_R, e P4A_R, respectivamente. As herdabilidades estimadas em análises unicaracterísticas foram menores para todos os pesos, em relação às análises bicaracterísticas. Com a utilização do modelo unicaracterística, também foram

observadas maiores estimativas de herdabilidade com a utilização de medidas repetidas em comparação com medidas únicas, com erros-padrão menores, o que sugere que a utilização de medidas repetidas proporcionou uma análise muito mais acurada. O uso de medidas repetidas em modelo multicaracterística, incluindo peso obtido antes da seleção, em avaliações de peso adulto, permite que as variações ambientais sejam melhor modeladas (KAPS et al., 1999), resultando em maiores estimativas de herdabilidade.

As herdabilidades estimadas para o peso adulto em modelo bicaracterística foram de moderadas a altas. Tais resultados concordam com os descritos na literatura, os quais variam de 0,30 a 0,52 e 0,35 a 0,53 em modelos considerando medida única e repetidas, respectivamente (KAPS et al., 1999; MERCADANTE et al., 2004; PEDROSA et al., 2006). Essas estimativas sugerem que a inclusão do peso adulto como critério de seleção de touros poderá trazer ganho genético. Portanto, na busca do peso adulto desejado para determinado sistema de produção, índices econômicos de seleção incluindo essa característica podem ser desenvolvidos.

O comportamento dos componentes de variância sugerem que registros de pesos de vacas de 2 anos de idade não devem ser considerados nas avaliações genéticas de peso adulto. MEYER (1995) observou tendência similar dos componentes de variância ao analisar peso adulto incluindo ou não registros de peso aos 3 anos de idade, em fêmeas da raça Hereford e cruzadas. No Brasil, MERCADANTE et al. (2004) sugeriram a não inclusão de pesos obtidos aos 2 e 3 anos de idade em avaliações do peso adulto, em fêmeas da raça Nelore. Entretanto, cabe ressaltar que a característica em questão é obtida relativamente tarde na vida do animal e que a exclusão de registros de pesos de vacas com 2 e 3 anos de idade poderá ocasionar perda de informações em avaliações genéticas do peso adulto, sobretudo dos animais mais jovens.

Os valores de acurácia associados aos valores genéticos dos touros foram maiores nos modelos com medidas repetidas em relação aos modelos de medida única (Figura 2). Este resultado é esperado uma vez que, com a utilização de

modelos de repetibilidade pode-se utilizar todas as medidas de peso disponíveis de cada animal e, como a acurácia também é função da herdabilidade estimada, maiores herdabilidades poderiam estar associadas a maiores valores de acurácia.

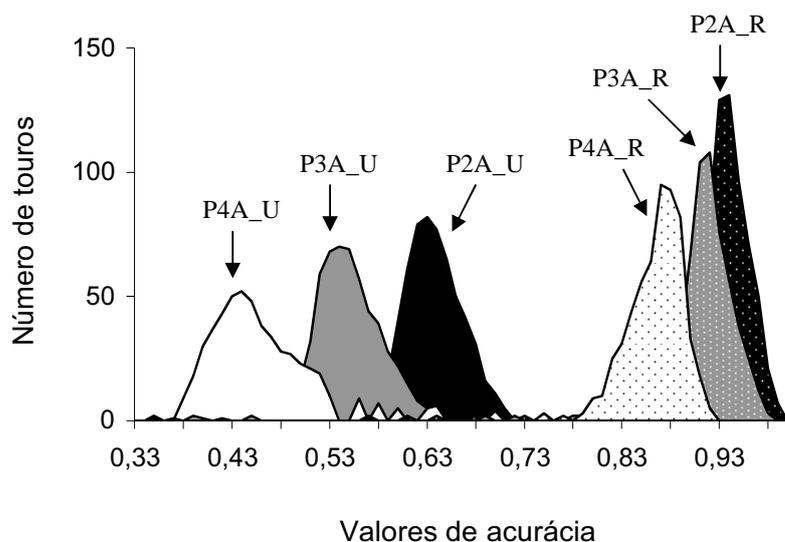


Figura 2- Distribuição dos valores de acurácia associados aos valores genéticos dos touros para peso a partir de 2 (P2A), 3 (P3A) e 4 (P4A) anos de idade; único peso mais próximo aos 4,5 anos de idade para cada vaca (_U); todos os registros disponíveis para cada vaca, medidas repetidas (_R); estimados em análises bicaracterísticas com o peso à desmama

Para as análises de P2A_U, P3A_U, P4A_U, P2A_R, P3A_R e P4A_R, as médias de acurácia associada ao valor genético de touros, pais de vacas com registros, foram iguais a 0,65; 0,61; 0,52; 0,94; 0,92 e 0,89, respectivamente. Tais resultados também indicam a superioridade em acurácia nas análises com medidas repetidas. Nos dois casos, a utilização de informações a partir de 4 anos de idade reduziu a acurácia, em comparação com a utilização de medidas repetidas considerando pesos aos 2 e 3 anos de idade. Apesar da inclusão de registros de vacas de 2 e 3 anos de idade aumentar a acurácia das estimativas, a inclusão de pesos a partir de 2 anos de idade pode aumentar o viés nas

estimativas, isso porque, nessa idade as fêmeas, provavelmente, ainda estão distantes do peso adulto.

No processo de seleção, é importante a avaliação genética de animais jovens com pouca ou nenhuma informação de progênie. Conseqüentemente, as acurácias dos valores genéticos estimados destes tourinhos, geralmente, são de baixas magnitudes. Nos rebanhos estudados, as médias de acurácias associadas aos valores genéticos de touros jovens que não apresentavam informações de progênie passaram de 0,44 (P2A_U); 0,41 (P3A_U) e 0,39 (P4A_U) quando se considerou medida única, para 0,76 (P2A_R); 0,70 (P3A_R) e 0,64 (P4A_R) considerando medidas repetidas. De modo semelhante, as médias de acurácias dos valores genéticos de touros com, no máximo, 4 anos de idade passaram de 0,60 (P2A_U); 0,55 (P3A_U) e 0,48 (P4A_U) para 0,80 (P2A_R); 0,77 (P3A_R) e 0,70 (P4A_R). Estes resultados mostram que considerar medidas repetidas pode mudar o nível de acurácia das estimativas dos valores genéticos de animais jovens de baixa para moderada a alta, melhorando sensivelmente a acurácia de seleção e, conseqüentemente, aumentando o ganho genético.

As correlações estimadas entre a classificação dos touros em função dos valores genéticos para peso adulto analisados sob os diferentes modelos são apresentadas na Tabela 3. As correlações variaram de 0,81 a 0,96, sendo maiores entre os modelos usando medidas repetidas em relação à medida única.

Utilizando modelos com medidas repetidas, a correlação de classificação estimada entre P3A_R e P4A_R foi próxima à unidade (0,96) sugerindo que, independente da inclusão de pesos a partir de 3 anos de idade, nos modelos com medidas repetidas, a classificação dos animais seria semelhante. Do mesmo modo, a correlação de classificação entre P4A_U e P4A_R foi alta (0,95), portanto, espera-se pequena diferença na classificação dos animais com a utilização de medida única.

Tabela 3- Coeficientes de correlação de Spearman entre valores genéticos preditos dos touros para peso adulto, obtidos em análises bicaracterísticas

Variável	P3A_U	P4A_U	P2A_R	P3A_R	P4A_R
P2A_U	0,93	0,85	0,89	0,84	0,86
P3A_U	-	0,88	0,83	0,91	0,89
P4A_U	-	-	0,81	0,92	0,95
P2A_R	-	-	-	0,94	0,90
P3A_R	-	-	-	-	0,96

peso a partir de 2 (P2A), 3 (P3A) e 4 (P4A) anos de idade; único peso mais próximo aos 4,5 anos de idade para cada vaca (_U); todos os registros disponíveis para cada vaca, medidas repetidas (_R)

Considerando touros selecionados para P4A_U (como utilizado na maioria dos programas de melhoramento no Brasil), os graus de coincidência obtidos na seleção baseada nas demais características (P2A_U, P3A_U, P2A_R, P3A_R e P4A_R) são apresentados na Tabela 4. Maiores diferenças ocorreram quando a intensidade de seleção foi maior. Quando 2 ou 10% dos touros foram selecionados com base em P4A_U, os graus de coincidência em relação aos selecionados por P3A_R e P4A_R, variaram de 52% a 79%. Portanto, mudanças na definição do peso adulto e nos modelos de análises podem ser responsáveis por diferenças importantes na classificação dos reprodutores. Considerando estes resultados e o fato de que a utilização de apenas uma medida de peso adulto por animal leva à predição de valores genéticos menos acurados, pode-se recomendar que a avaliação genética para peso adulto seja realizada incluindo várias medidas por animal em um modelo de repetibilidade.

Três definições de peso adulto, utilizando medidas repetidas, foram analisadas. Na Tabela 5 são apresentados os graus de coincidência obtidos na seleção baseada nos valores genéticos preditos utilizando P4A_R, em relação aos demais modelos de repetibilidade, bem como a média dos valores genéticos

preditos para P4A_R, considerando diferentes intensidades de seleção. Pode-se observar redução no grau de coincidência entre os touros à medida que foram consideradas maiores intensidades de seleção. O grau de coincidência na classificação dos touros com a utilização do modelo P4A_R e P3A_R foi alta, sugerindo que, mesmo considerando pesos a partir de 3 anos de idade em avaliações genéticas do peso adulto, mais de 80% dos touros selecionados seriam os mesmos. Isto é, não ocorreriam grandes mudanças nas classificações dos touros quando são incluídos pesos de animais mais jovens, a partir dos 3 anos de idade.

Tabela 4- Número e percentagem de touros selecionados para peso adulto, aplicando diferentes intensidades de seleção com base no valor genético predito para a P4A_U

Características	Percentagem de touros selecionados para P4A_U			
	2%	10%	20%	50%
	(12 animais)	(62 animais)	(123 animais)	(308 animais)
P2A_U	(7) 61%	(45) 72%	(97) 79%	(268) 87%
P3A_U	(8) 70%	(52) 84%	(109) 89%	(277) 90%
P2A_R	(5) 42%	(41) 66%	(87) 71%	(274) 89%
P3A_R	(6) 52%	(47) 76%	(100) 81%	(259) 84%
P4A_R	(8) 68%	(49) 79%	(104) 85%	(286) 93%

peso a partir de 2 (P2A), 3 (P3A) e 4 (P4A) anos de idade; único peso mais próximo aos 4,5 anos de idade para cada vaca (_U); todos os registros disponíveis para cada vaca, medidas repetidas (_R)

Como esperado, as médias dos valores genéticos preditos de touros selecionados utilizando P4A_R aumentaram com a diminuição da proporção de animais selecionados. Em geral, as médias dos valores genéticos para P4A_R dos touros coincidentes, quando selecionados para as demais características (P2A_R e P3A_R) foram superiores às obtidas selecionando-se para P4A_R. As

médias dos touros coincidentes quando considerou-se a característica P3A_R, embora levemente mais altas, foram semelhantes às obtidas por seleção para P4A_R. Estes achados corroboram com os resultados anteriores indicando que um modelo de repetibilidade, incluindo pesos a partir de 3 anos de idade, seria o mais apropriado para se selecionar para peso adulto.

Tabela 5- Número e percentagem de touros selecionados para peso adulto, aplicando diferentes intensidades de seleção com base no valor genético predito e valores genéticos médios para P4A_R

Percentagem de touros selecionados para P4A_R	Características	
	P2A_R	P3A_R
2% (12 animais) Valor genético médio= 20,63	(7) 61% 23,59	(10) 84% 22,32
10% (62 animais) Valor genético médio= 17,21	(48) 78% 18,59	(58) 93% 17,47
20% (123 animais) Valor genético médio= 12,63	(100) 81% 13,62	(117) 95% 12,97
50% (308 animais) Valor genético médio= 4,15	(268) 87% 5,59	(299) 97% 4,72

peso a partir de 2 (P2A), 3 (P3A) e 4 (P4A) anos de idade; único peso mais próximo aos 4,5 anos de idade para cada vaca (_U); todos os registros disponíveis para cada vaca, medidas repetidas (_R)

Conclusões

O peso adulto é uma característica de herdabilidade média a alta e que pode ser utilizada em programas de melhoramento que visam monitorar o tamanho de matrizes da raça Nelore.

Em avaliações genéticas para a característica de peso adulto, o emprego de modelos que consideram mais de uma medida seria o mais adequado em relação

à utilização de medida única. Apesar da inclusão de pesos aos 2 anos de idade aumentar a acurácia dos valores genéticos, a utilização de pesos a partir dos 3 anos de idade seria mais indicado em avaliações genéticas do peso adulto.

A utilização de modelos de repetibilidade em avaliações genéticas considerando informações de touros jovens proporcionou acurácia associada ao valor genético de média a alta magnitude.

Referências Bibliográficas

ARANGO, J., PLASSE, D. Cow weight in a closed Brahman herd. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Proceedings...** Montpellier: 2002. CD-ROM.

ARANGO, J., CUNDIFF, L.V., VAN VLECK, L.D. Genetic parameters for weight, weight adjusted for body condition score, height, and body condition score in beef cows. **Journal of Animal Science**, v.80, p.3112-3122, 2002.

BOLDMAN, K.G., KRIESE, L.A., VAN VLECK, L.D., VAN TASSEL, C.P., KACHMAN, S.D. **A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variance and (co)variance (DRAFT)**. Lincoln: Department of Agriculture/ARS, 1995. 120p.

CHOY, Y.H., BRINKS, J.S., BOURDON, R.M. Repeated-measure animal models to estimate genetic components of mature weight, hip height, and body condition score. **Journal of Animal Science**, v.80, p.2071-2077, 2002.

JENKINS, T.G., FERRELL, C.L. Productivity through weaning of nine breeds of cattle under varying feed availabilities: I. Initial evaluation **Journal of Animal Science**, v.72, n.11, p.2787-2797, 1994.

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

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

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

MEYER, K., JOHNSTON, D., GRASER, H. Estimates of the complete genetic covariance matrix for traits in multi-trait genetic evaluation of Australian Hereford cattle. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.55, p.195-210, 2004.

PEDROSA, V.B., ELER, J.P., SILVA, J.A.II.V., FORMIGONI, I.B., MOURAO, G.B., BUENO, R.S., FERRAZ, J.B.S., RIBEIRO, S., ZAMPAR, A. Heritability estimation for mature weight in Nelore cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006. Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte: 2006. CD-ROM.

ROSA, A.N., LÔBO, R.B., OLIVEIRA, H.N., BEZERRA, A.F., BORJAS, A.R. Peso adulto de matrizes em rebanhos de seleção da raça Nelore no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.3, p.1027-1036, 2001.

SILVA, A.M., ALENCAR, M.M., FREITAS, A.R., BARBOSA, R.T., BARBOSA, P.F., OLIVEIRA, M.C.S., CORRÊA, L.A., NOVAES, A.P., TULLIO, R.R. Herdabilidades e correlações genéticas para peso e perímetro escrotal de machos e características reprodutivas e de crescimento de fêmeas, na raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.2223-2230, 2000.

CAPÍTULO 4- ESTIMATIVAS DE (CO)VARIÂNCIAS GENÉTICAS DE PESOS DO NASCIMENTO A MATURIDADE UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA PARA FÊMEAS DA RAÇA NELORE

Estimativas de (co)variâncias genéticas de pesos do nascimento a maturidade utilizando modelos de regressão aleatória para fêmeas Nelore

RESUMO- Este trabalho foi realizado com objetivo de estimar funções de (co)variância utilizando modelos de regressões aleatórias sobre polinômios de Legendre, para a análise de medidas repetidas de pesos obtidos do nascimento à idade adulta. Foram utilizadas 82.064 mensurações de pesos de 8.145 fêmeas, provenientes do banco de dados do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN). Os modelos incluíram como aleatórios os efeitos genético aditivo direto e materno, de ambiente permanente de animal e materno e, como fixos, foram considerados os efeitos de grupo de contemporâneos e, a idade da vaca ao parto (efeito linear e quadrático) e polinômio ortogonal de Legendre da idade do animal (regressão cúbica), como covariáveis. Um total de 8 modelos de polinômios de terceira a sexta ordem foram consideradas para modelar o efeito genético aditivo direto e materno e de ambiente permanente de animal e materno. O resíduo foi modelado considerando 1 e 5 classes de variâncias. O modelo contendo 5 classes de variância foi o que melhor descreveu o comportamento da trajetória para o efeito residual ao longo do crescimento. O modelo que considerou polinômios de Legendre de quarta e sexta ordem para os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente de animal, respectivamente, e de terceira ordem para os efeitos genético materno e ambiente permanente materno foi indicado como o melhor pelos critérios adotados. As estimativas de variâncias obtidas por modelo multicaracterística e de regressão aleatória foram semelhantes. As estimativas de herdabilidade do efeito genético direto obtidas por modelos de regressão aleatória seguiram tendência semelhante às obtidas pela análise multicaracterística. As estimativas de herdabilidades maternas foram

maiores próximo aos 240 dias de idade. De maneira geral, as correlações estimadas entre os pesos do nascimento aos 8 anos de idade diminuíram conforme o distanciamento entre as idades.

Palavras-chave: dados longitudinais, curva de crescimento, raça Nelore

Introdução

Em avaliações genéticas de bovinos de corte, os pesos medidos em diferentes idades são características de crescimento amplamente utilizadas pelos programas de melhoramento genético. Visando antecipar a escolha dos genótipos superiores, esses programas geralmente consideram os pesos obtidos em idades jovens como critério de seleção. Porém, existem evidências de correlações genéticas positivas e altas entre pesos obtidos em idades jovens e os pesos à idade adulta de fêmeas (SILVA et al., 2000; TALHARI et al., 2003; CASTRO-PEREIRA et al., 2007). Assim, a seleção para o aumento de pesos em qualquer idade pode ocasionar aumento no custo de produção devido, principalmente, a maiores requerimentos nutricionais para a manutenção das matrizes.

A trajetória de crescimento de bovinos pode ser representada por pontos que relacionam o peso com a idade. Os pesos obtidos durante a vida do animal podem ser avaliados através de modelos de regressão aleatória. Esses modelos apresentam algumas vantagens em relação aos modelos multicaracterísticas tradicionais, como descrever, de forma contínua, a estrutura de covariâncias ao longo do tempo; estimar valores genéticos para a curva de crescimento como um todo, para funções da curva e para a característica em qualquer idade dentro do intervalo contido nos dados.

A implementação de modelos de regressão aleatória, visando a estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento em gado de corte, tem se difundido amplamente. Alguns autores limitam-se a utilizar pesos a partir de 2 anos de idade de fêmeas (MEYER, 1999 e 2001b; ARANGO et al., 2004; NEPHAWE, 2004), outros utilizam medidas obtidas do nascimento à desmama ou, aproximadamente, aos 2 anos de idade (MEYER, 2000, 2004, 2005).

No Brasil, os trabalhos utilizando modelos de regressão aleatória incluem medidas de peso de animais do nascimento até, aproximadamente, 700 dias de idade (SAKAGUTI et al., 2003; ALBUQUERQUE & MEYER, 2001; NOBRE et al.,

2003; ALBUQUERQUE & MEYER, 2005), não constando, atualmente, trabalhos considerando pesos em idades mais avançadas, como peso adulto da vaca.

Para o desenvolvimento de funções do peso que permitam a seleção para alterar a forma da curva de crescimento é necessário a estimação de funções de covariância, incluindo os pesos até a idade adulta. Com isso será possível, por exemplo, a seleção de animais de menores pesos ao nascer e à maturidade, mas com alto peso ao sobreano, o que atende às exigências de mercado (animal pesado ao sobreano), às restrições biológicas (dificuldade de parto com o aumento do peso ao nascer), e de meio ambiente (aumento das exigências de manutenção com o aumento do peso adulto).

O presente estudo objetivou estimar funções de (co)variância com diferentes ordens para os efeitos genético aditivo direto e materno, de ambiente permanente de animal e materno e, parâmetros genéticos para pesos do nascimento à idade adulta, utilizando modelos de regressão aleatória, com intuito de identificar o modelo mais adequado para descrever as mudanças das variâncias de acordo com a idade do animal.

Material e Métodos

Dados

Os dados utilizados neste estudo são provenientes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN), programa de avaliação genética que teve início em 1987. Os animais participantes, além de serem identificados de forma a garantir as informações de genealogia, são submetidos a pesagens a cada 90 dias, do nascimento ao sobreano e, aqueles que permanecem nos rebanhos como reprodutores continuam sendo pesados rotineiramente nesse intervalo. Neste conjunto de dados, os nascimentos ocorreram durante o ano todo, com maior concentração na primavera e no verão e, os animais foram desmamados, em média, aos 240 dias de idade. Do conjunto total de dados disponibilizados, foram mantidos apenas os pesos de animais:

produtos de inseminação artificial, criados em pastagem sem suplementação e que foram amamentados por suas mães biológicas. Foram mantidos pesos ao nascer iguais ou superiores a 24 kg.

Para pesos do nascimento aos 3 anos de idade, o grupo de contemporâneos incluiu animais nascidos na mesma fazenda, ano e estação e classes de idade à pesagem, evitando que a diferença entre pesagens fosse superior a 45 dias. A partir de 3 anos de idade, o grupo de contemporâneos foi constituído por fazenda, ano e estação de nascimento, ano e estação da pesagem. Foram excluídos registros de pesos fora dos intervalos dados pela média do grupo de contemporâneo mais ou menos três desvios-padrão. Aplicou-se a restrição de que cada grupo de contemporâneos deveria conter, no mínimo, oito animais, totalizando 2.693 grupos de contemporâneos.

Foram descartados animais com menos de cinco medidas de peso. A média foi de 10,07 medidas por animal, com o máximo de 43. Existiam 813, 2.133, 1.243, 1.138, 528, 282 e 2.008 animais com 5, 6, 7, 8, 9, 10 e 11-43 medidas de peso, respectivamente. Isto resultou em 63,83, 48,57 e 34,60% de animais com, no mínimo, 7, 8 e 9 medidas, respectivamente.

Para formação das classes de idade à pesagem utilizou-se como critério o mínimo de 80 animais por classe de idade. Foi considerado como classe zero o dia do nascimento do animal e, a partir desta data, as idades foram agrupadas em 2 dias (1-649 dias de idade), 5 dias (650-749 dias de idade), 30 dias (750-1.409 dias de idade) e 140 dias (1.410-2.920 dias de idade). Esses critérios foram adotados com o objetivo de atingir o mínimo necessário de animais nas classes iniciais e finais. Foram formadas 350 classes de idades.

O conjunto de dados analisados consistiu em 82.064 mensurações de pesos do nascimento aos 8 anos de idade de 8.145 fêmeas, filhas de 470 touros e 5.186 vacas. A matriz de parentesco foi constituída com informações de todas as gerações disponíveis e continha 12.596 animais.

Análises

As análises de regressão aleatória foram realizadas utilizando polinômio ortogonal de Legendre de quarta ordem para modelar as tendências da média populacional. Foram considerados quatro efeitos aleatórios e diferentes ordens de polinômio (k). Para os efeitos genético aditivo direto (a), genético materno (m) e de ambiente permanente materno (c) foram utilizados polinômios quadráticos e cúbicos, envolvendo $K_a = k_m = k_c = 3$ e 4 , respectivamente. O efeito de ambiente permanente de animal (p) foi modelado considerando polinômio quadrático, cúbico, quártico e quártico, ou seja, $k_p = 3, 4, 5$ e 6 , respectivamente. As variâncias residuais foram modeladas considerando 1 e 5 classes, sendo agrupadas da seguinte forma: 0, 1-216, 217-660, 661-960, 961-2.920 dias de idade, respectivamente. Além disso, foram considerados como efeitos fixos o grupo de contemporâneos, além da idade da mãe ao parto (em dias) como covariável (efeitos linear e quadrático).

O modelo de regressão aleatória utilizado pode ser descrito como:

$$y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{kb-1} \beta_m \phi_m(t_i) + \sum_{m=0}^{ka-1} \alpha_{jm} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{km-1} \gamma_{jm} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{kp-1} \delta_{jm} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{kc-1} \rho_{jm} \phi_m(t_{ij}) + E_{ij} ,$$

em que: y_{ij} peso vivo na i -ésima idade, pertencente ao j -ésimo animal; F é o conjunto de efeitos fixos; β_m são os coeficientes de regressão para modelar a trajetória média da população; $\phi_m(t_i)$ é a função de regressão que descreve a curva média da população de acordo com a idade do animal (t_i); $\phi_m(t_{ij})$ são as funções de regressão que descrevem as trajetórias de cada indivíduo j , de acordo com a idade (t_i), para os efeitos aleatórios genético aditivo direto, aditivo materno, ambiente permanente do animal e ambiente permanente materno; $\alpha_{jm}, \gamma_{jm}, \delta_{jm}, \rho_{jm}$ são os regressores aleatórios genético direto e materno, e de ambiente permanente do animal e materno para cada animal; k_b, k_a, k_m, k_p, k_c são

as ordens dos polinômios utilizados para os efeitos descritos acima; e E_{ij} é o erro aleatório associado a cada idade i do animal j .

Na notação matricial, o modelo pode ser representado por:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Z}_1\mathbf{a} + \mathbf{Z}_2\mathbf{m} + \mathbf{W}_1\mathbf{p} + \mathbf{W}_2\mathbf{c} + \mathbf{e}$$

em que: \mathbf{y} é o vetor das observações, \mathbf{b} é o vetor dos efeitos fixos (incluindo F_{ij} e β_m), \mathbf{a} é o vetor dos coeficientes aleatórios para os efeitos genético aditivo direto, \mathbf{m} é o vetor dos coeficientes aleatórios para os efeitos genético materno, \mathbf{p} é o vetor dos coeficientes aleatórios para os efeitos de ambiente permanente do animal, \mathbf{c} é o vetor dos coeficientes aleatórios para os efeitos de ambiente permanente materno, \mathbf{e} é o vetor dos resíduos, e \mathbf{X} , \mathbf{Z}_1 , \mathbf{Z}_2 , \mathbf{W}_1 , \mathbf{W}_2 são as matrizes de incidência correspondentes.

As pressuposições em relação aos componentes são:

$$E \begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{a} \\ \mathbf{m} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{Xb} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix}; \quad V \begin{bmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{m} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{c} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{K}_a \otimes \mathbf{A} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{K}_m \otimes \mathbf{A} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{K}_p \otimes \mathbf{I}_{N_A} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{K}_c \otimes \mathbf{I}_{N_M} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{R} \end{bmatrix};$$

em que: K_a , K_m , K_p e K_c são as matrizes de (co)variância entre os coeficientes de regressão aleatórios para os efeitos genético aditivo direto, genético materno, de ambiente permanente do animal e ambiente permanente materno, \mathbf{A} é a matriz de parentesco entre os indivíduos, \mathbf{I} é a matriz de identidade, N_A é o número de animais com registro, N_M é o número de mães, \otimes é o produto de Kroeneker entre matrizes, e \mathbf{R} representa uma matriz bloco diagonal, contendo as variâncias residuais. Assume-se, neste modelo, que não há correlação entre os coeficientes de regressão aleatórios para efeitos genético aditivo direto e materno e de ambiente permanente do animal e materno.

Dado o modelo de regressão aleatória e as pressuposições associadas aos momentos, as equações de modelos mistos (EMM) são:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}_1 & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}_2 & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{W}_1 & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{W}_2 \\ \mathbf{Z}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}_1 + \mathbf{K}_a \otimes \mathbf{A}^{-1} & \mathbf{Z}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}_2 & \mathbf{Z}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{W}_1 & \mathbf{Z}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{W}_2 \\ \mathbf{Z}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}_1 & \mathbf{Z}_2'\mathbf{R}^{-1} + \mathbf{K}_m \otimes \mathbf{A} & \mathbf{Z}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{W}_1 & \mathbf{Z}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{W}_2 \\ \mathbf{W}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{W}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}_1 & \mathbf{W}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}_2 & \mathbf{W}_1'\mathbf{R}^{-1} + \mathbf{K}_p \otimes \mathbf{I}_{N_A} & \mathbf{W}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{W}_2 \\ \mathbf{W}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{W}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}_1 & \mathbf{W}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}_2 & \mathbf{W}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{W}_1 & \mathbf{W}_2'\mathbf{R}^{-1} + \mathbf{K}_c \otimes \mathbf{I}_{N_M} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{b} \\ \mathbf{a} \\ \mathbf{m} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{W}_1'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{W}_2'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

Os componentes de covariâncias foram estimados empregando modelos de regressão aleatória pelo método de máxima verossimilhança restrita, utilizando o programa estatístico WOMBAT (MEYER, 2006).

Os modelos com diferentes ordens de ajustes para os polinômios foram comparados através de alguns critérios estatísticos, como segue:

- Critério de Informação de Akaike (AKAIKE, 1973): $AIC = -2 \ln L + 2p$;
- Critério de Informação Bayesiano de Schwarz (SCHWARZ, 1998):
 $BIC = -2 \ln L + p \ln(N - r)$;
- Medida da Informação Teórica da Complexidade do Modelo (BOZDOGAN, 2000): $ICOMP = -2 \ln L + 2[C_1(K_{Modelo})]$;

em que: p é o número de parâmetros do modelo; N é o número total de observações; r é o posto da matriz de incidência para os efeitos fixos (X);

$$C_1(K_{Modelo}) = C_1(K_a) + C_1(K_m) + C_1(K_p) + C_1(K_c);$$

$$C_1(K_{a,m,p \text{ ou } c}) = \frac{p}{2} \ln \left[\frac{\text{traço}(K)}{p} \right] - \frac{1}{2} \ln |K|; \quad K_a \text{ e } K_m \text{ são as matrizes de}$$

(co)variâncias genéticas aditiva direta e materna, respectivamente; K_p e K_c são as matrizes de (co)variâncias de ambiente permanente do animal e materno entre os coeficientes de regressão aleatória.

Os resultados de cada critério de seleção de modelos são expressos por meio da comparação entre os mesmos, uma vez que menores valores de AIC, BIC e ICOMP são preferidos.

Os critérios AIC e BIC consideram a falta de ajuste e o número de parâmetros estimados no modelo, em que, modelos com menores valores de AIC e BIC são escolhidos como melhores modelos de ajuste dos dados. O AIC pode ser empregado para comparar modelos com os mesmos efeitos fixos, mas diferentes estruturas de variância. No caso do BIC, o julgamento é o mesmo, mas esse critério atribui maior penalidade aos modelos com grande número de parâmetros, que o AIC. A medida da informação teórica da complexidade (ICOMP) relaciona a complexidade do modelo com o grau de interdependência entre seus parâmetros. O ICOMP, dentre os modelos mais complexos, escolhe o mais simples, que fornece as estimativas mais acuradas e eficientes dos parâmetros (BOZDOGAN, 2000).

Para comparar os resultados obtidos pelos modelos de regressão aleatória, foram realizadas, no mesmo conjunto de dados, análise multicaracterística utilizando os modelos de dimensão finita para pesos ao nascer (PN), desmama (PD), sobreano (PS) e 2 (P2A), 3 (P3A) e 5 (P5A) anos de idade. Foram considerados como aleatórios o efeito genético aditivo direto e materno (para PD) e de ambiente permanente materno (para PN, PD e PS), os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (fazenda, ano e estação de nascimento) e efeitos linear e quadrático da idade do animal à pesagem (com exceção do PN) e idade da vaca ao parto, como covariáveis.

A citação dos modelos de regressão aleatória segue o seguinte padrão: $Mk_a k_m k_p k_c_r$ referindo-se à ordem da função de covariâncias para os efeitos genético aditivo direto (k_a), materno (k_m), de ambiente permanente de animal (k_p) e materno (k_c) e a estrutura de variâncias residuais (r).

Resultados e Discussão

O número de medidas de peso por idade, junto com a correspondente média de peso são apresentados na Figura 1. Os pesos aumentaram com a idade, apresentando decréscimo no crescimento após a desmama, tornando-se praticamente linear a partir dos 800 dias de idade. Observa-se também, decréscimo acentuado no número de animais a partir dos 600 dias de idade, sugerindo haver seleção dos animais em idades jovens.

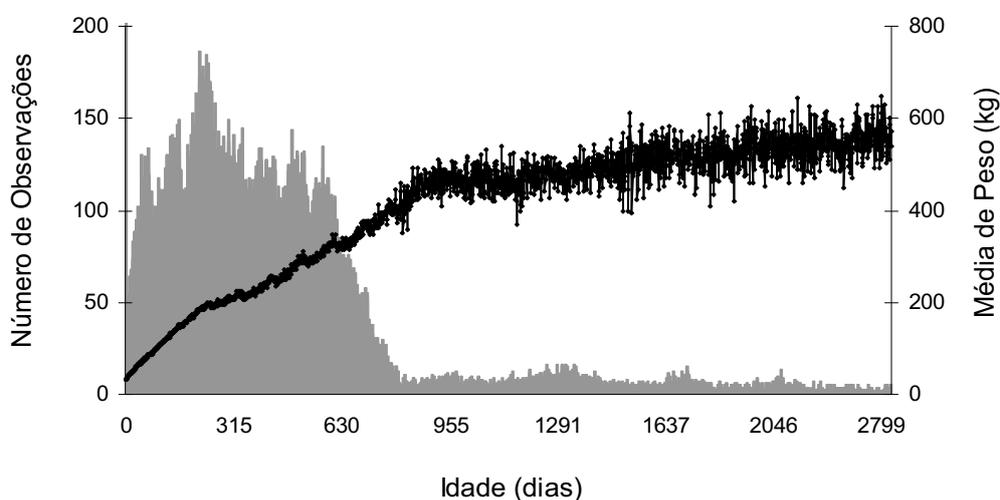


Figura 1- Número de observações e média de pesos por idade

Na Figura 2 são apresentados os desvios-padrão e os coeficientes de variação para pesos do nascimento aos 8 anos de idade. Os desvios-padrão mostraram tendência de crescimento, principalmente no início do período estudado. Já os coeficientes de variação apresentaram valores constantes até os 700 dias de idade, mostrando maiores oscilações em idades posteriores, indicando forte correlação entre média de peso e desvio-padrão.

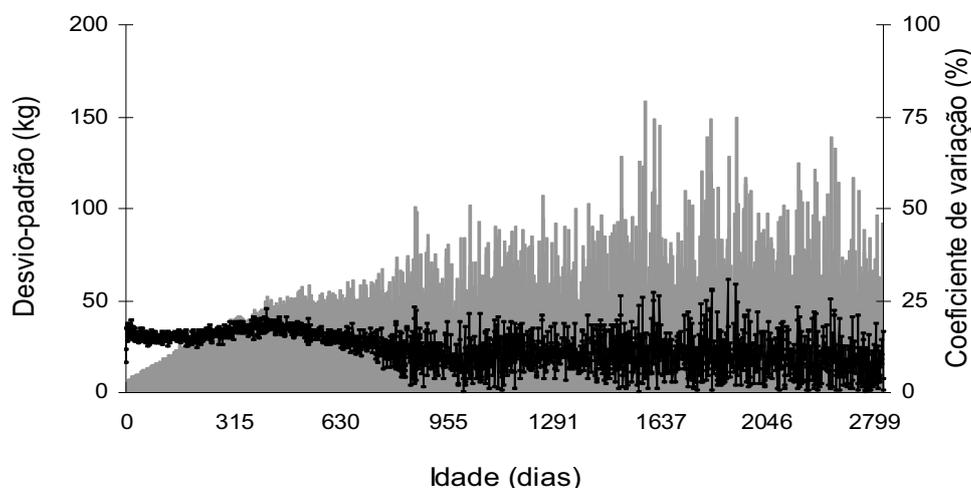


Figura 2- Desvio-padrão (barra) e coeficiente de variação (linha) para pesos de acordo com a idade

O resumo das análises utilizando modelos de regressão aleatória está descrito na Tabela 1. Quando foram considerados todos os efeitos aleatórios, o modelo contendo homogeneidade de variâncias residuais promoveu o pior ajuste, indicando que as variâncias têm comportamento diferenciado no decorrer do crescimento de fêmeas da raça Nelore. A variância residual foi então considerada em classes (5) de acordo com a idade.

Além dos modelos apresentados (Tabela 1), foram testados outros modelos com maior número de parâmetros para os efeitos aleatórios, porém, com o aumento na ordem dos polinômios para esses efeitos, obteve-se dificuldade em atingir a convergência (máximo global), especialmente em modelos em que um ou alguns autovalores da matriz de (co)variância para os efeitos aleatórios estavam próximos a zero. Em alguns casos, a convergência se estabilizou em um máximo local. Utilizando dados de peso adulto de fêmeas, MEYER (1999) e ARANGO et al. (2004) relataram o mesmo problema, ou seja, falhas no procedimento de busca da convergência, principalmente em modelos com maior número de parâmetros.

Tabela 1- Ordem do polinômio para efeitos genéticos direto (k_a) e materno (k_m), de ambiente permanente de animal (k_p) e materno (k_c), classes de resíduo (r); número de parâmetros (np); logaritmo da função de verossimilhança (\log); critério de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC); medida da informação teórica da complexidade do modelo (ICOMP)

Modelo	Critério Estatístico									
	k_a	k_m	k_p	k_c	r	np	\log	AIC	BIC	ICOMP
M3333_1	3	3	3	3	1	25	-249080	498212	498443	498177
M3330_5	3	3	3	0	5	23	-256338	512723	512936	512683
M3333_5	3	3	3	3	5	29	-236236	472531	472799	472483
M3343_5	3	3	4	3	5	33	-230463	460993	461300	460942
M3353_5	3	3	5	3	5	38	-229871	459818	460171	459739
M4453_5	4	4	5	3	5	46	-223209	446419	446938	458709
M4363_5	4	3	6	3	5	48	-221382	442860	443305	453830
M4454_5	4	4	5	4	5	50	-221378	442856	443320	453857

Vários autores que utilizaram modelos de regressão aleatória para avaliar pesos de bovinos de corte em fase de crescimento também relataram dificuldades na utilização de polinômios de alto grau e falta de uniformidade de ajuste ao longo da curva, principalmente nas extremidades (SAKAGUTI et al., 2003; MEYER, 2005). Com a utilização de pesos obtidos do nascimento à idade adulta, que podem exigir polinômios de graus mais elevados, a utilização desses modelos pode resultar em estimativas irrealistas e problemas de convergência.

No presente estudo, segundo os resultados do AIC, o modelo M4454_5 para os efeitos genético aditivo direto e materno, de ambiente permanente de animal e materno, respectivamente, com 50 parâmetros, foi o melhor. Por outro lado, os demais critérios indicaram que o modelo M4363_5, com um total de 48 parâmetros, foi suficiente para modelar a variância nos dados. A redução nas

ordens dos polinômios para os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno de 4 para 3 foi realizada também baseada no fato de que modelos que consideraram ordem 4 para esses efeitos apresentaram autovalores iguais a zero, sugerindo redução na ordem e possibilitando a obtenção de modelo mais parcimonioso.

As estimativas de (co)variâncias e correlações entre o intercepto e os coeficientes de regressão aleatória e seus autovalores, para os modelos M4363_5 e M4454_5 são apresentados na Tabela 2. Para todos os efeitos aleatórios estudados, o intercepto apresentou a maior estimativa de variância associada. As correlações entre o intercepto e coeficientes de regressão linear foram positivas em ambos os modelos. Por outro lado, correlações entre o intercepto e coeficientes de regressão quadráticos foram negativas para todos os efeitos. Resultados semelhantes foram relatados por MEYER (2001a) e ALBUQUERQUE & MEYER (2001) para pesos do nascimento à desmama e do nascimento aos 630 dias de idade, respectivamente.

As variâncias estimadas para pesos do nascimento à idade adulta utilizando os dois melhores modelos (M4363_5 e M4454_5) e com análise multicaracterística, são apresentadas na Figura 3. As variâncias fenotípicas estimadas em ambos os modelos foram muito semelhantes às estimadas em análise multicaracterística (Capítulo 2). As variâncias fenotípicas mostram um acréscimo mais acentuado até o sobreano, apresentando menores diferenças a partir dessa idade (Figura 3). Esses resultados diferem dos obtidos por MEYER (2001b); NOBRE et al. (2003) e MEYER (2005), os quais descreveram estimativas obtidas com modelos de regressão aleatória superiores em relação ao modelo multicaracterística e, essas diferenças foram maiores em idades mais avançadas. Utilizando modelos de regressão aleatória para peso dos 2 aos 8 anos de idade de fêmeas das raças Angus, Hereford e F1, ARANGO et al. (2004) também relataram aumento nas estimativas de variância com a idade, porém, as estimativas obtidas em idades mais avançadas discordaram das obtidas com modelos bicaracterística tradicional.

Tabela 2- Estimativas de variâncias (diagonal), covariâncias (abaixo da diagonal) e correlações (acima da diagonal) entre os coeficientes de regressão aleatória da matriz de coeficientes e seus autovalores (λ), para os modelos M4363_5 e M4454_5 para os efeitos genético aditivo direto e materno, ambiente permanente de animal e materno, respectivamente

		0	1	2	3	4	5	λ
M4363_5								
Genético Aditivo	0	285,43	0,78	-0,34	0,03			317,85
	1	86,79	43,45	-0,16	-0,25			21,26
	2	-37,28	-4,36	16,60	0,47			9,40
	3	1,48	-4,87	5,71	9,03			2,46
Genético Materno	0	72,67	0,86	-0,28				80,04
	1	15,92	4,74	-0,15				1,36
	2	-16,73	-3,26	3,98				0,27
Ambiente Permanente do Animal	0	200,77	0,79	-0,35	0,04	0,01	-0,11	571,32
	1	99,36	86,68	0,12	-0,03	-0,23	0,13	94,46
	2	-2,54	19,39	34,95	-0,48	-0,26	0,33	42,18
	3	1,51	-2,89	-9,17	13,07	0,52	-0,04	31,19
	4	2,65	-2,48	-1,71	7,70	12,63	-0,61	10,72
	5	-1,42	10,47	19,93	-1,06	-7,65	20,74	0,08
Ambiente Permanente Materno	0	34,96	0,98	-0,63				14,01
	1	9,79	6,52	-0,45				3,74
	2	-6,69	-1,19	2,28				0,19
M4454_5								
Genético Aditivo	0	293,41	0,84	-0,46	0,04			308,07
	1	108,39	68,49	-0,03	-0,09			33,30
	2	-40,64	-1,03	22,26	0,67			9,49
	3	0,44	-1,85	8,23	6,69			0,01
Genético Materno	0	49,89	0,63	-0,90	-0,66			47,03
	1	1,93	8,77	0,48	0,71			5,30
	2	-4,84	1,13	2,03	0,05			0,47
	3	-19,8	2,67	0,34	1,07			0,00
Ambiente Permanente do Animal	0	207,56	0,80	-0,36	0,08	-0,10		493,65
	1	74,97	87,45	0,01	-0,11	0,22		56,92
	2	-4,27	16,69	37,06	-0,15	-0,39		50,48
	3	9,68	-3,27	-14,76	17,55	-0,24		21,86
	4	-1,21	8,08	-1,11	-6,05	9,28		4,28
Ambiente Permanente Materno	0	34,26	0,33	-0,48	-0,09			47,03
	1	1,93	1,00	0,66	0,71			5,30
	2	-4,84	1,13	2,90	0,05			0,12
	3	-19,80	2,67	0,34	4,16			0,00

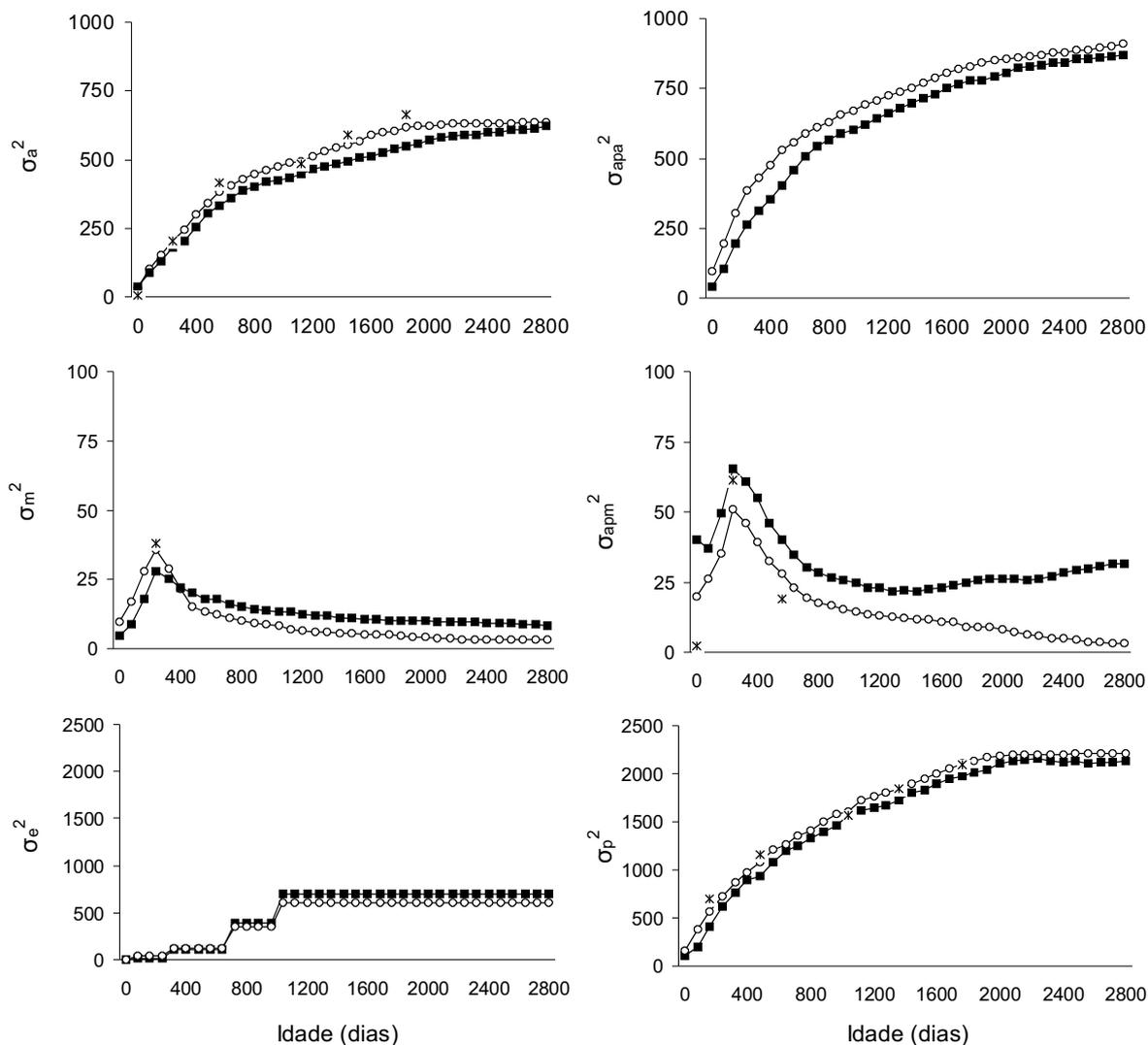


Figura 3- Estimativas de componentes de variância aditiva genética direta (σ_a^2), genética materna (σ_m^2), ambiente permanente de animal (σ_{apa}^2), ambiente permanente materno (σ_{apm}^2), residual (σ_e^2) e fenotípica (σ_p^2), obtidas por meio de análises de regressão aleatória para M4363_5 (○) e M4454_5 (■) e por análise multicaracterística (✕)

As estimativas de variância genética aditiva direta foram semelhantes às obtidas com a utilização do modelo multicaracterística (Figura 3). Comparando os dois melhores modelos utilizando regressão aleatória, as estimativas de variância de ambiente permanente de animal foram superiores para o modelo M4363_5 em relação ao M4454_5. Do mesmo modo, aumentando a ordem dos polinômios para o efeito de ambiente permanente de animal de 5 para 6 alterou-se a partição das variâncias dos efeitos do animal, observando um pequeno aumento nas estimativas de variância genética aditiva direta, principalmente nas idades intermediárias.

Para o efeito de ambiente permanente de animal, observou-se aumento nas estimativas em função da idade, sendo mais acentuado até os 800 dias de idade. O rápido aumento da variância de ambiente permanente de animal foi mais evidente no modelo M4363_5, refletindo nas estimativas de variância fenotípica.

Quando são comparados os dois melhores modelos (M4363_5 e M4454_5), as estimativas de variância genética materna e de ambiente permanente materno foram as que apresentaram maiores diferenças (Figura 3). Com a utilização de polinômios de ordem 4 para os efeitos maternos, as variâncias estimadas para o efeito de ambiente permanente materno foram mais altas, com oscilações no início e no final do período estudado. Com a redução da ordem dos polinômios para esses efeitos, as variâncias genética materna e de ambiente permanente materno estimadas apresentaram-se mais próximas das obtidas em análise multicaracterística, com maiores valores para pesos próximos aos 260 dias de idade.

As herdabilidades para o efeito aditivo direto estimadas com os dois modelos de regressão aleatória e análise multicaracterística, no geral, mostram a mesma tendência, porém, com a utilização de modelos de regressão aleatória as estimativas foram superiores (Figura 4). As herdabilidades do efeito direto estimadas usando modelo multicaracterística variaram de 0,25 (para peso ao nascer) a 0,35 (para peso aos 5 anos de idade). Já as obtidas utilizando o modelo M4363_5 mostram um acréscimo do nascimento (0,34) até o sobreano (0,42),

mantendo-se praticamente constante até os 8 anos de idade (0,39). Vários autores descreveram diminuição das estimativas de herdabilidade direta para pesos após o nascimento, mas com um aumento das estimativas a partir da desmama (MEYER, 2001b; ALBUQUERQUE & MEYER, 2001; DIAS et al., 2006).

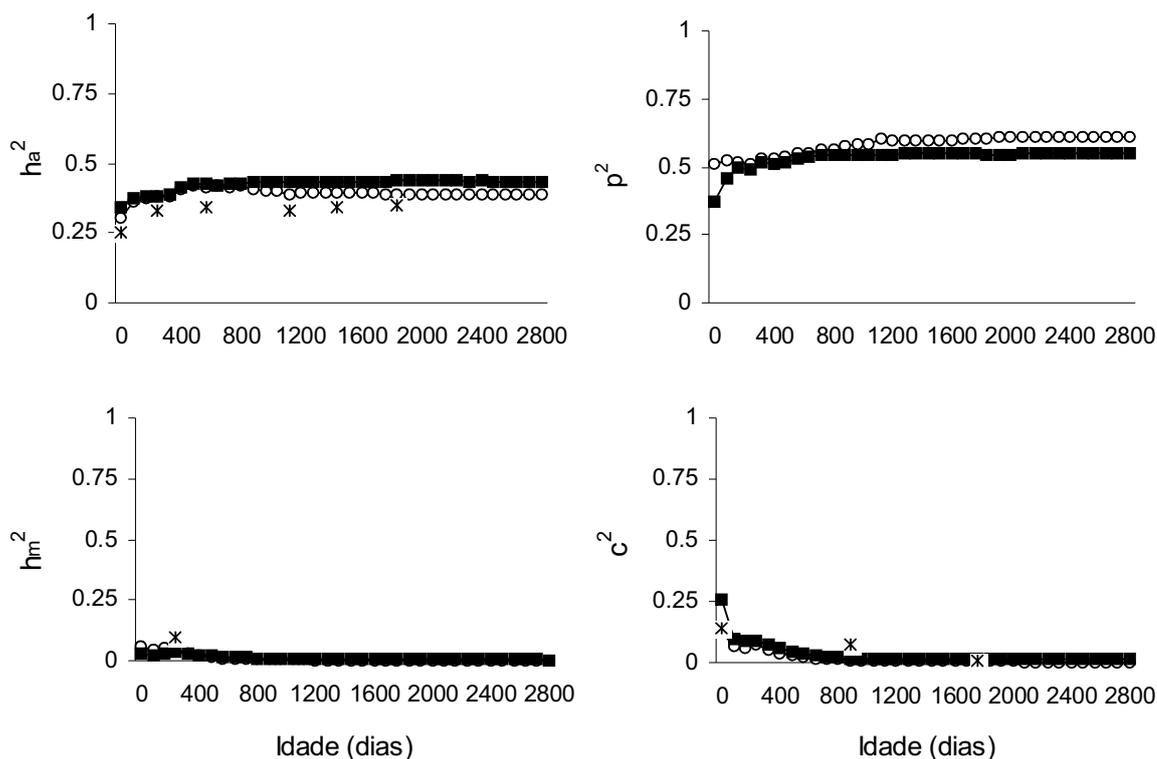


Figura 4- Estimativas de herdabilidade direta (h_a^2), herdabilidade materna (h_m^2), estimativa da variância de ambiente permanente de animal (p^2) e materna (c^2) como proporção da variância fenotípica total obtidas por meio de análises de regressão aleatória para M4363_5 (○) e M4454_5 (■) e por análise multicaracterística (✕)

Em modelos considerando pesos até a idade adulta, ARANGO et al. (2004) relataram herdabilidade direta variando de 0,38 (3 anos de idade) a 0,78 (7 anos de idade). MEYER (1999) também relatou maiores oscilações nas estimativas de

herdabilidade direta nas extremidades do período estudado, ou seja, 0,57 e 0,42 (2 anos de idade) e 0,37 e 0,49 (10 anos de idade) para pesos de fêmeas das raças Polled Hereford e Wokalup, respectivamente.

As estimativas de variâncias de ambiente permanente de animal como proporção das variâncias fenotípicas apresentaram menores variações com a utilização do modelo M4363_5 (Figura 4). Com esse modelo, as proporções da variância de ambiente permanente de animal aumentaram do nascimento (0,51) até próximo aos 120 dias de idade (0,53), apresentando pequena redução em torno dos 300 dias de idade e posteriormente, tenderam a aumentar levemente até o final. Utilizando pesos de 2 aos 11 anos de idade de fêmeas da raça Bonsmara, NEPHAWÉ (2004) relatou proporções de ambiente permanente de animal variando de 0,30 a 0,42, com maiores oscilações no início e final do período estudado.

As herdabilidades maternas estimadas pelos dois métodos de análise para peso a desmama também foram semelhantes (Figura 4). As estimativas obtidas com a utilização de regressão aleatória (M4363_5) aumentaram do nascimento (0,03) até próximo aos 240 dias de idade (0,09), decrescendo em idades posteriores. Entretanto, com a utilização de modelo multicaracterística, a herdabilidade materna estimada para peso à desmama foi maior (0,13). No Brasil, tendência semelhante foi obtida por ALBUQUERQUE & MEYER (2001), NOBRE et al. (2003) e DIAS et al. (2006) para as estimativas de herdabilidade materna do nascimento aos 630, 683 e 550 dias de idade para animais de raças zebuínas, respectivamente.

Os resultados observados neste estudo demonstram maior influência materna até o período da desmama. Portanto, embora de baixa magnitude, maior resposta à seleção para habilidade materna em rebanhos da raça Nelore pode ser esperada com a seleção realizada baseando-se em pesos obtidos próximos à desmama.

De modo semelhante, as estimativas de variância de ambiente permanente materno, como proporção da variância fenotípica total, apresentaram a mesma

tendência em análises de regressão aleatória e multicaracterística, com exceção do início do período estudado (Figura 4). As estimativas obtidas por regressão aleatória (M4363_5) diminuíram no início do período, de 0,15 ao nascimento para 0,06 aos 120 dias de idade e, após este período, permaneceram praticamente constantes. Tais resultados diferem dos obtidos por ALBUQUERQUE & MEYER (2001), para animais da raça Nelore, uma vez que, estimativas de ambiente permanente materno praticamente não mudaram com a idade.

As estimativas de correlação genética direta e materna entre pesos do nascimento à idade adulta para o modelo M4363_5 estão apresentadas na Tabela 3. As estimativas de correlação genética decresceram com o aumento da distância entre os pesos. As correlações genéticas obtidas foram superiores a 0,5 na maior parte das idades. Esses resultados sugerem que, a seleção para pesos em qualquer idade deve alterar o peso adulto de fêmeas na mesma direção, entretanto, quanto mais tarde a seleção for realizada, maior a correlação com o peso adulto.

É importante salientar que, em geral, a seleção é praticada considerando principalmente pesos da desmama ao sobreano, o que poderá trazer como consequência o aumento do tamanho adulto das matrizes que, nem sempre é desejado. ARANGO et al. (2004) também relataram correlações genéticas altas (próximas de 0,84) entre pesos de 840 e 2160 dias de idade e próximas a 0,90 entre pesos de 2160 e 3090 dias de idade. Utilizando pesos dos 2 aos 11 anos de idade, NEPHAWE (2004) estimou correlação genética acima de 0,82 entre todas as idades. De modo semelhante, MEYER (1999) relatou estimativas de correlação genética entre pesos a partir de 3 anos de idade e pesos obtidos em idades mais avançadas próximas a unidade para a raça Wokalup e estimativas menos consistentes, especialmente entre pesos aos 2 e 10 anos de idade (0,23), para a raça Polled Hereford.

Tabela 3- Estimativas de correlação genética aditiva direta (acima da diagonal) e materna (abaixo da diagonal) para pesos do nascimento à idade adulta, para o modelo M4363_5

Pesos	PN	P120	P240	P365	P540	P730	P1095	P1460	P1825	P2190	P2555	P2920
PN	-	0,79	0,71	0,68	0,60	0,54	0,50	0,47	0,45	0,40	0,39	0,37
P120	0,77	-	0,81	0,70	0,61	0,61	0,57	0,52	0,54	0,51	0,51	0,50
P240	0,70	0,79	-	0,83	0,64	0,62	0,62	0,58	0,56	0,50	0,49	0,50
P365	0,66	0,88	0,87	-	0,85	0,78	0,74	0,62	0,60	0,60	0,58	0,57
P540	0,58	0,66	0,67	0,79	-	0,86	0,75	0,64	0,66	0,63	0,62	0,60
P730	0,45	0,51	0,54	0,66	0,81	-	0,81	0,65	0,63	0,64	0,62	0,61
P1095	0,40	0,40	0,45	0,57	0,67	0,79	-	0,85	0,78	0,78	0,69	0,64
P1460	0,31	0,33	0,32	0,50	0,56	0,57	0,79	-	0,84	0,79	0,69	0,65
P1825	0,24	0,29	0,30	0,51	0,52	0,50	0,77	0,84	-	0,87	0,89	0,91
P2190	0,23	0,28	0,29	0,53	0,56	0,56	0,76	0,76	0,87	-	0,92	0,93
P2555	0,22	0,23	0,20	0,48	0,51	0,51	0,69	0,74	0,79	0,90	-	0,93
P2920	0,21	0,20	0,22	0,47	0,53	0,52	0,69	0,73	0,87	0,91	0,92	-

peso ao nascer (PN), aos 120 (P120), 240 (P240), 365 (P365), 540 (P540), 730 (P730), 1095 (P1095), 1460 (P1460), 1825 (P1825), 2190 (P2190), 2555 (P2555) e aos 2920 (P2920) dias de idade

As estimativas de correlação genética materna foram altas entre pesos do nascimento aos 365 dias de idade, variando de 0,66 a 0,88. De modo semelhante, os valores obtidos entre pesos a partir dos 365 dias de idade até o final do período estudado também apresentaram magnitudes de moderada a alta (Tabela 3). Esses resultados sugerem que os efeitos maternos nas idades iniciais sejam controlados pelos mesmos genes. Por outro lado, ALBUQUERQUE & MEYER (2001) e DIAS et al. (2006) relataram baixos valores de correlações materna entre peso ao nascer com pesos obtidos da desmama aos 550 dias de idade, porém, valores altos entre essas outras idades padrão (de 240 aos 550 dias). Em rebanhos da raça Nelore, NOBRE et al. (2003) estimaram correlações genética materna baixas entre pesos do nascimento aos 60 dias de idade e, estimativas acima de 0,70 entre os pesos dos 243 aos 601 dias de idade.

As correlações de ambiente permanente de animal decresceram quanto maior à distância em tempo entre os pesos (Tabela 4), sendo menores entre os pesos ao nascer e a partir dos 730 dias de idade. Altos valores de correlações de ambiente permanente foram obtidas entre pesos do nascimento aos 540 dias de idade e dos 730 dias de idade até o final do período estudado. Estimativas de correlações inferiores às obtidas no presente estudo foram relatadas por DIAS et al. (2006) entre o peso ao nascer e aos 240 (0,25), 365 (0,26) e 550 dias de idade (0,09). Para pesos a partir dos 570 dias de idade, MEYER (1999) e ARANGO et al. (2004) estimaram correlações de ambiente permanente de animal próximo a 0,60 em idades intermediárias, porém, apresentando flutuações e, menores correlações entre idades extremas. Tais autores indicaram a necessidade de utilizar polinômio para o efeito de ambiente permanente de animal com ordem superior a 5 quando são considerados pesos até a idade adulta.

As correlações de ambiente permanente materno entre o peso ao nascer e demais pesos variaram de média a alta magnitude, sendo maiores entre as idades finais. Tais resultados diferem dos obtidos por DIAS et al. (2006), os quais relataram correlações de ambiente permanente materno inferiores, ou seja, 0,32; 0,34 e 0,36, entre peso ao nascer e aos 240, 365 e 550 dias, respectivamente.

Tabela 4- Estimativas de correlação de ambiente permanente de a nimal (acima da diagonal) e ambiente permanente materno (abaixo da diagonal) para pesos do nascimento à idade adulta, para o modelo M4363_5

Pesos	PN	P120	P240	P365	P540	P730	P1095	P1460	P1825	P2190	P2555	P2920
PN	-	0,79	0,67	0,65	0,60	0,47	0,40	0,41	0,36	0,34	0,35	0,32
P120	0,49	-	0,73	0,71	0,69	0,58	0,49	0,50	0,48	0,49	0,47	0,45
P240	0,56	0,67	-	0,73	0,70	0,66	0,64	0,63	0,65	0,59	0,60	0,54
P365	0,54	0,62	0,63	-	0,72	0,69	0,68	0,70	0,66	0,64	0,65	0,60
P540	0,49	0,60	0,54	0,58	-	0,64	0,65	0,60	0,58	0,56	0,53	0,52
P730	0,47	0,52	0,50	0,60	0,59	-	0,78	0,77	0,69	0,68	0,64	0,62
P1095	0,39	0,45	0,48	0,53	0,54	0,58	-	0,79	0,78	0,69	0,67	0,66
P1460	0,38	0,40	0,45	0,41	0,50	0,56	0,58	-	0,80	0,81	0,78	0,80
P1825	0,34	0,47	0,46	0,43	0,48	0,55	0,56	0,61	-	0,84	0,81	0,82
P2190	0,35	0,32	0,44	0,48	0,49	0,49	0,54	0,62	0,65	-	0,88	0,87
P2555	0,30	0,34	0,37	0,45	0,40	0,47	0,50	0,59	0,67	0,69	-	0,90
P2920	0,29	0,31	0,39	0,41	0,41	0,48	0,49	0,57	0,64	0,68	0,71	-

peso ao nascer (PN), aos 120 (P120), 240 (P240), 365 (P365), 540 (P540), 730 (P730), 1095 (P1095), 1460 (P1460), 1825 (P1825), 2190 (P2190), 2555 (P2555) e aos 2920 (P2920) dias de idade

Os resultados do presente estudo também diferem dos encontrados por ALBUQUERQUE & MEYER (2001) que estimaram correlações de ambiente permanente próximos à unidade entre essas mesmas idades.

As três principais autofunções para o efeito genético aditivo direto para o modelo M4363_5 são apresentadas na Figura 5. Autofunções são funções contínuas, cujos coeficientes são formados pelos elementos dos autovetores das matrizes de coeficientes das funções de covariância. Para cada autofunção existe um autovalor, que representa a variação da proporção total que a mesma explica.

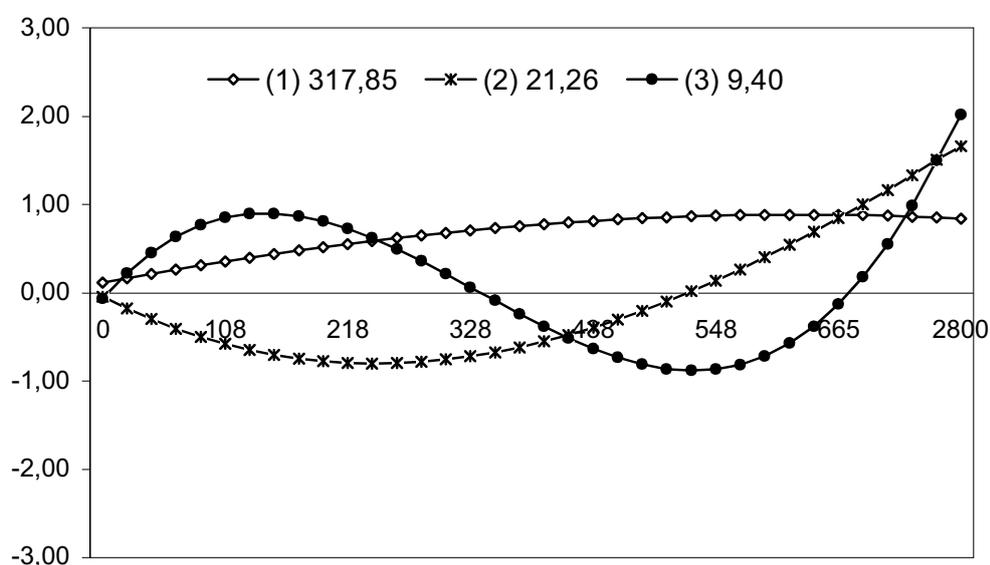


Figura 5- Autofunções (1, 2 e 3) estimadas para o efeito genético aditivo direto e seus respectivos autovalores (317,85; 21,26 e 9,40), para M4363_5 (ordens de ajuste 4 para o efeito genético direto, 3 para o efeito genético materno e de ambiente permanente materno e 6 para o efeito de ambiente permanente do animal, com 5 classes de variâncias residuais).

Os três autovalores principais da matriz de coeficientes para o efeito genético aditivo foram responsáveis por 99,30% da variação genética aditiva total, sendo o primeiro autovalor responsável por 90,56% dessa variação. A primeira autofunção foi positiva em todas as idades, indicando que existe correlação positiva entre os pesos do nascimento aos 8 anos de idade. Assim, como observado nas correlações genéticas, a seleção para pesos em determinada idade irá aumentar os pesos em demais idades. A segunda autofunção foi negativa até os 400 dias de idade e depois tornou-se positiva. A mudança de sinal indica que a seleção sobre este componente terá efeitos contrários no início e final da trajetória. Entretanto, a possibilidade de mudança genética por seleção sobre esse componente é pequena, uma vez que este foi responsável por apenas 6,06% da variância genética aditiva. Esses resultados assemelham-se aos descritos por ALBUQUERQUE & MEYER (2001) para pesos do nascimento aos 630 dias de idade de animais da raça Nelore.

A grande dominância dos primeiros autovalores também foi observada por MEYER (1999), ao analisar peso adulto (de 2 a 10 anos de idade) de vacas de corte, sendo o primeiro autovalor responsável por 91,8% e 97,3% da variação genética aditiva, para as raças Polled Hereford e Wokalup, respectivamente. Também utilizando pesos de fêmeas até a idade adulta, ARANGO et al. (2004) relataram o primeiro autovalor sendo responsável por 96% da variação genética aditiva. Entretanto, em ambos os trabalhos, as autofunções, associadas ao primeiro autovalor descreveram curvas de comportamento mais oscilatórias que as encontradas no presente estudo.

Quando são utilizados modelos de regressão aleatória, a modelagem do resíduo e a ordem de ajuste dos polinômios podem interferir na estimação dos componentes de variância. Como já demonstrado na literatura, é mais adequado considerar estrutura heterogênea para modelar as variâncias residuais para pesos obtidos em diferentes idades, isso porque, o ambiente temporário geralmente não interfere igualmente em todas as idades. Quanto às ordens de ajuste dos polinômios, alguns estudos indicam que, apesar da utilização de altas

ordens aumentar a flexibilidade da curva, isso eleva as exigências computacionais, dificultando a convergência (MEYER, 1998). Essas dificuldades foram observadas no presente estudo, uma vez que, considerando polinômios de ordem mais elevada, principalmente para os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente de animal, os modelos com número de parâmetros acima de 50 não atingiram convergência.

Os modelos de regressão aleatória produziram estimativas para os parâmetros muito semelhantes às obtidas com o modelo multicaracterística que considerou os pesos em seis idades. Contudo, cabe ressaltar que, com os modelos de regressão aleatória, é possível a utilização de toda informação disponível para cada animal e não apenas as tomadas em algumas idades; não há necessidade de ajuste dos pesos para as idades padrão evitando possíveis erros associados ao mesmo; é possível estimar valores genéticos para qualquer idade incluída nos dados e, além disto, valores genéticos podem ser estimados para diferentes funções da curva de crescimento.

No presente estudo, os dois modelos de regressão aleatória indicados pelos critérios de comparação utilizados ajustaram as mudanças nas variâncias, com a idade, de forma semelhante. Entretanto, considerando o menor número de parâmetros, pode-se indicar para utilização em avaliações genéticas o modelo que considerou ordem 4 para o efeito genético aditivo direto, 3 para os efeitos genético materno e de ambiente permanente materno e 6 para o efeito de ambiente permanente de animal, sendo o resíduo modelado considerando 5 classes de variância.

Conclusões

Há necessidade de se utilizar heterogeneidade de variâncias residuais para modelar dados de pesos obtidos do nascimento à idade adulta.

Um modelo considerando ordem 4 para o efeito genético aditivo direto, 3 para os efeitos genético e de ambiente permanente materno e 6 para o efeito de

ambiente permanente de animal, com o resíduo modelado por 5 classes de variância, foi adequada para modelar as mudanças das variâncias do peso com a idade dos animais.

A seleção com base em qualquer peso, como em idades jovens (da desmama ao sobreano) deve ser realizada levando em conta que esses rebanhos estariam sujeitos a aumento no peso ao nascer e no adulto das fêmeas.

Maior resposta à seleção para crescimento irá ocorrer utilizando-se os pesos após a desmama.

A seleção para habilidade materna será maior quando realizada considerando pesos próximos à desmama.

O emprego de modelos de regressão aleatória com grande número de parâmetros a serem estimados provocou um aumento nas exigências de memória e tempo computacional para a realização das análises e causou dificuldade de convergência.

Referências Bibliográficas

AKAIKE, H. Information theory and an extension of the maximum likelihood principle. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON INFORMATION THEORY, 2., 1973, Budapest. **Proceedings...** Budapest: Academiai Kiado, p.267-281, 1973.

ALBUQUERQUE, L.G., MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.79, p.2776-2789, 2001.

ALBUQUERQUE, L.G. **Modelos de dimensão infinita aplicados a características de crescimento de bovinos da raça Nelore**. 2003. 83f. Tese (Livre-Docência) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2003.

ALBUQUERQUE, L.G., MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth of Nelore cattle applying a parametric structure to model within animal correlations. **Livestock Production Science**, v.93, p.213-222, 2005.

ARANGO J.A., CUNDIFF L.V., VAN VLECK L.D. Covariance functions and random regression models for cow weight in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.82, p.54-67, 2004.

BOZDOGAN, H. Akaike's information criterion and recent developments in information complexity. **Journal of Mathematical Psychology**, v.44, p.62-91, 2000.

BROTHERSTONE, S., WHITE, I.M.S., MEYER, K. Genetic modeling of daily yields using orthogonal polynomials and parametric curves. **Journal of Animal Science**, v.70, p.407-415, 2000.

CASTRO-PEREIRA, V.M., ALENCAR, M.M., BARBOSA, P.F. Estimativas de parâmetros genéticos e de ganhos direto e indireto à seleção para características de crescimento de machos e fêmeas da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.4, p.1037-1044, 2007.

DIAS, L.T., ALBUQUERQUE, L.G., TONHATI, H., TEIXEIRA, R.A. Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.5, p.1915-1935, 2006.

KIRKPATRICK, M., HILL, W.G., THOMPSON, R. Estimating the covariance structure of traits during growth and aging, illustrated with lactations in dairy cattle. **Genetic and Molecular Research**, v.64, p.57-69, 1994.

MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using random regression model. **Genetics Selection Evolution**, v.30, p.221-240, 1998.

MEYER, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for post weaning growth and mature weight of beef cows. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.116, p.181-205, 1999.

MEYER, K. Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, v.65, p.19-38, 2000.

MEYER, K. Estimates of genetic covariance functions assuming a parametric correlation structure for environmental effects. **Genetics Selection Evolution**, v.33, p.557-585, 2001a.

MEYER, K. Estimates of direct and maternal covariances functions for growth of Australian beef calves from birth to weaning. **Genetics Selection Evolution**, v.33, p.487-514, 2001b.

MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v.86, p.69-83, 2004.

MEYER, K. Estimates of genetic covariance functions for growth of Angus cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.122, p.73-85, 2005.

MEYER, K. "WOMBAT" - Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006, CD-ROM.

NEPHAWE K.A. Application of random regression models to the genetic evaluation of cow weight in Bonsmara cattle of South Africa. **South African Journal of Animal Science**, v.34, n.3, p.166-173, 2004.

NOBRE P.R.C., MISZTAL I., TSURUTA S., BERTRAND J.K., SILVA L.O.C., LOPES P.S. Analyses of growth curves of Nelore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal of Animal Science**, v.81, p.918-926, 2003.

SAKAGUTI, E.S., SILVA, M.A., QUAAS, R.L., MARTINS, E.N., LOPES, P.S., SILVA, L.O.C. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por meio de análises de funções de covariância. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4, p.864- 874, 2003.

SCHWARZ, G. Estimating the dimension of the model. **The Annual of Statistics.**, n.6, p.127-132, 1998.

SILVA, A.M., ALENCAR, M.M., FREITAS, A.R., BARBOSA, R.T., BARBOSA, P.F., OLIVEIRA, M.C.S., CORRÊA, L.A., NOVAES, A.P., TULLIO, R.R. Herdabilidade e correlações genéticas para peso e perímetro escrotal de machos e características reprodutivas e de crescimento de fêmeas, na raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.2223-2230, 2000.

TALHARI, F.M., ALENCAR, M.M., MASCIOLI, A.S., SILVA, A.M., BARBOSA, P.F. Correlações genéticas entre características produtivas de fêmeas em um rebanho da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4, p.880-886, 2003.

CAPÍTULO 5- CONSIDERAÇÕES FINAIS

Para selecionar animais com menores pesos ao nascer e à maturidade, porém com alto peso ao sobreano, é necessário o conhecimento das estimativas de parâmetros genéticos para pesos obtidos durante toda a vida do animal. Essas estimativas podem ser obtidas, por exemplo, com a utilização de modelos uni, bi ou multicaracterística, modelos de repetibilidade ou de regressão aleatória.

Utilizando pesos do nascimento à idade adulta em análises utilizando modelos uni, bi e multicaracterística, foram estimadas correlações genéticas com o peso adulto variando de moderadas a altas, sugerindo que, a seleção baseada em pesos da desmama ao sobreano, que vem sendo praticada, poderá trazer como consequência aumento de peso ao nascer e adulto. Para avaliações genéticas de pesos obtidos a partir da desmama, é mais adequado o uso de modelo multicaracterística incluindo o peso a desmama.

Em avaliações genéticas para a característica peso adulto, os modelos de repetibilidade proporcionaram estimativas mais acuradas para os parâmetros genéticos em relação aos modelos com medida única. A utilização de pesos a partir de 3 anos de idade seria a mais indicada quando se utilizam modelos de repetibilidade para análises de peso adulto.

Outra forma de avaliar pesos do nascimento à idade adulta é por meio de modelos de regressão aleatória. Com esses modelos, é possível utilizar todos os registros disponíveis, não necessitando pré-ajustes às idades padrão. Além disso, proporcionam estimativas de parâmetros genéticos para os pesos obtidos em qualquer idade do animal.

Os parâmetros genéticos obtidos com modelos de regressão aleatória foram semelhantes aos estimados por análise multicaracterística, embora as herdabilidades do efeito genético direto estimadas com a utilização de modelos de regressão aleatória tenham sido ligeiramente superiores em relação à análise multicaracterística. As estimativas de herdabilidade do efeito direto obtidas em análises de regressão aleatória ou multicaracterística mostram um acréscimo do

nascimento até o sobreano, mantendo-se praticamente constantes em idades subseqüentes.

No geral, as estimativas de correlações genéticas aditiva direta e materna, de ambiente permanente direto e materno foram positivas, variando de moderadas a altas, tendendo a reduzir à medida que aumentou a distância entre as idades. Esses resultados indicam que, a seleção para peso em qualquer idade levará a aumento de pesos em outras idades. Portanto, nos rebanhos estudados, o peso adulto está sujeito a aumentos.

O emprego de modelos de regressão aleatória com grande número de parâmetros a serem estimados, provocou um aumento na exigência de memória e tempo computacional para a realização das análises dos dados. Assim, é necessário que se busquem modelos alternativos mais parcimoniosos.