

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA  
FACULDADE DE MEDICINA VETERINÁRIA E ZOOTECNIA  
CAMPUS DE BOTUCATU

**COMPARAÇÃO DE CRITÉRIOS DE SELEÇÃO PARA CRESCIMENTO EM  
BOVINOS DA RAÇA NELORE**

Márcia Tereza Vieira Scarpati

Tese apresentada ao Programa de Pós-  
Graduação em Zootecnia - Área de  
Concentração: Nutrição e Produção  
Animal, como parte das exigências  
para obtenção do título de Doutor.

BOTUCATU - SP  
Julho - 2003

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA  
FACULDADE DE MEDICINA VETERINÁRIA E ZOOTECNIA  
CAMPUS DE BOTUCATU

**COMPARAÇÃO DE CRITÉRIOS DE SELEÇÃO PARA CRESCIMENTO EM  
BOVINOS DA RAÇA NELORE**

Márcia Tereza Vieira Scarpati  
Zootecnista

Orientador: Prof. Dr. Henrique Nunes de Oliveira

Tese apresentada ao Programa de Pós-  
Graduação em Zootecnia - Área de  
Concentração: Nutrição e Produção  
Animal, como parte das exigências  
para obtenção do título de Doutor.

BOTUCATU - SP  
Julho - 2003

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA SEÇÃO TÉCNICA DE AQUISIÇÃO E TRATAMENTO DA  
INFORMAÇÃO  
SERVIÇO TÉCNICO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - FCA  
UNESP - LAGEADO - BOTUCATU (SP)

Scarpati, Márcia Tereza Vieira, 1971-  
S286c Comparação de critérios de seleção para crescimento em  
bovinos da raça Nelore / Márcia Tereza Vieira Scarpati. --  
Botucatu, [s.n.], 2003.  
v, 88 f. : gráfs., tabs.

Tese (doutorado) -- Universidade Estadual Paulista,  
Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia.  
Orientador: Henrique Nunes de Oliveira.  
Inclui bibliografia.

1. Bovino de corte. 2. Bovino - Raças. 3. Bovino -  
Crescimento. 4. Bovino - Pesos e medidas. 5. Modelos li-  
neares (Estatística) I. Oliveira, Henrique Nunes de. II.  
Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho"  
(Campus de Botucatu). Faculdade de Medicina Veterinária e  
Zootecnia. III. Título.

Palavras-chave: Análise de sobrevivência; Bovinos de corte; Cres-  
cimento; Modelos lineares; Simulação; Ganho médio  
diário; Dias para ganhar 140 kg.; Nelore.

*Aos meus pais, José Antônio e Maria Cyrene, sempre zelosos e confiantes.  
Ao meu esposo, Valdemir, que tolerou minha ausência e me deu suporte para  
a realização deste trabalho.*

## **Agradecimentos**

A Deus, pela vida, pelas oportunidades, por tudo.

Ao Prof. Dr. Henrique Nunes de Oliveira, pela orientação, amizade e paciência. Seu enorme conhecimento e sua serenidade garantiram confiança para a realização deste trabalho.

Aos professores Dr. Marcílio Dias Silveira da Mota, Dr. Mário de Beni Arrigoni e aos pesquisadores Maria Eugênia Zerlotti Mercadante e Maurício Melo de Alencar, por aceitarem participar da Banca Examinadora e enriquecerem o trabalho com valiosas sugestões.

Ao Zootecnista, MSc. Evandro Pereira, por sua imensa paciência, disposição e prestatividade ao me ajudar a lidar com o Survival Kit, trocar idéias e discutir conceitos.

À Médica Veterinária, Dra. Ana Paula Madureira por suas sugestões, seu apoio e sobretudo pela grande amizade que nos une.

À Carmem Sílvia de Oliveira Pólo e à Seila Cristina Cassinelli Vieira, pelo alegre convívio, pela solidariedade e por estarem sempre prontas a ajudar e fornecer orientações.

Aos professores do Depto de Melhoramento e Nutrição Animal, pela companhia, apoio e prestatividade.

Ao Dino, que com seu jeito sui gêneris, faz de conta que atrapalha, mas não mede esforços para ajudar.

À Rosana pela tolerância e prestatividade, à Paula pela ajuda com o inglês e aos demais companheiros do IBGE, pelo estímulo e solidariedade.

À CAPES pela concessão da bolsa de estudo.

A todos que, de alguma forma, contribuíram para a execução deste trabalho.

## SUMÁRIO

	Página
CAPÍTULO 1.....	1
CONSIDERAÇÕES INICIAIS.....	2
Literatura Citada.....	19
CAPÍTULO 2.....	23
COMPARAÇÃO DE MÉTODOS DE AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO POR MEIO DE ESTUDO DE SIMULAÇÃO.....	
Resumo.....	24
Abstract.....	25
Introdução.....	26
Material e Métodos.....	28
Resultados e Discussão.....	35
Conclusões.....	46
Literatura Citada.....	47
CAPÍTULO 3.....	50
COMPARAÇÃO DOS CRITÉRIOS DE SELEÇÃO GANHO MÉDIO DIÁRIO E DIAS PARA GANHAR 140 KG NA FASE PÓS- DESMAMA DE BOVINOS DA RAÇA NELORE	
Resumo.....	51
Abstract.....	52
Introdução.....	53
Material e Métodos.....	55
Resultados e Discussão.....	61
Conclusões.....	84
Literatura Citada.....	85
CAPÍTULO 4.....	88
IMPLICAÇÕES.....	89

## **CAPÍTULO 1**

## Considerações Iniciais

Dentre as diversas raças criadas no Brasil, as de origem indiana são as que melhor se adaptaram às condições extensivas de criação que, na maioria dos rebanhos nacionais, emprega baixos níveis tecnológicos. Entretanto, os animais zebuínos mostram-se ainda tardios quando comparados com animais de raças européias altamente especializadas para produção de carne, resultando em índices de produtividade baixos e, muitas vezes, insatisfatórios do ponto de vista econômico. A seleção de animais com maior precocidade de crescimento poderá viabilizar o sistema de produção, beneficiando produtores e consumidores, antecipando a disponibilidade de um produto com melhor qualidade e preço, tornando o sistema compatível com as condições de criação em ambiente tropical.

A precocidade de crescimento, historicamente, vem sendo medida pelo ganho médio diário (GMD), obtido pela razão entre dois pesos e o tempo transcorrido entre estas pesagens. Fries (1996) ressalta que a atenção sempre foi focalizada no aumento de peso, mas que a redução no tempo é igualmente importante. Por esta razão, propôs critérios de seleção de bovinos baseados em dias para ganhar 160 quilogramas do nascimento a desmama (D160), dias para ganhar 140 quilogramas da desmama aos 550 dias de idade (D140) e dias para ganhar 240 quilogramas da desmama ao abate (D240), os quais são obtidos pela divisão de 160, 140 ou 240 pelo ganho médio diário no respectivo período. Segundo o autor, esta seria uma forma de reduzir custos de produção e tempo de cria, recria e engorda, uma vez que o mercado possui duas unidades de comercialização bem definidas, que são o bezerro desmamado e o novilho pronto para o abate.



Segundo Muniz (2001), a utilização de D160 como critério de seleção evitaria seleção direta para peso ao nascer, pois o peso à desmama corrigido para a idade do bezerro, utilizado na maioria dos programas de melhoramento animal, incorpora o peso ao nascer ao mérito genético do animal, o que pode ocasionar aumento de ocorrência de distocia e aumento no peso adulto.

A seleção para D140 e D240 viria como mais uma opção para reduzir o tempo de terminação dos animais. Além disso, Fries e Albuquerque (1999) sugerem também que a seleção para DIAS favoreceria touros com progênes mais homogêneas. Para Muniz (2001), este favorecimento é confirmado pela influência significativa do desvio padrão da média aritmética sobre a diferença entre as médias harmônica e aritmética. Assim, à medida que o desvio-padrão da média aritmética aumenta, menores são os valores da harmônica, o que no referido estudo indicou que os touros Gir com progênie de maior variabilidade necessitaram de maior número de dias para ganhar 160 quilogramas do nascimento à desmama. Este favorecimento não foi confirmado no estudo de Oliveira (2003), no qual nenhuma evidência estatisticamente significativa desta vantagem foi encontrada. Pelo contrário, foi constatado que o valor máximo de DIAS em um grupo de contemporâneos interfere na predição do valor genético de todos os touros com filhos naquele grupo, e que essa interferência pode afetar toda a avaliação genética.

Em contraposição às diversas vantagens apresentadas, esta nova variável apresenta problemas e talvez o mais relevante seja a heterogeneidade de variância entre os grupos de contemporâneos, decorrente da forma de cálculo da variável, pela transformação do GMD em sua inversa. A heterogeneidade de variância é verificada mesmo que os

grupos tenham sido gerados com a mesma variância. Ela irá se refletir diretamente na avaliação genética dos animais, favorecendo aqueles pertencentes aos grupos com maior variação (Oliveira, 2003).

Ao se estudar o número de dias para o animal ganhar determinado peso (DIAS), é provável que, dentre os animais analisados, apenas uma parcela tenha desempenho que permita medir a característica, ou seja, no momento da tomada dos dados, alguns animais terão alcançado o peso estipulado e outros não. Situação similar ocorre em estudos sobre a duração da vida produtiva de porcas ou de vacas leiteiras em que, no momento da análise dos dados, algumas já terão morrido, sido descartadas ou vendidas, enquanto outras ainda estarão fazendo parte do rebanho, e por isso não será possível conhecer a medida de sua longevidade. Esta situação é esperada quando a variável de interesse é medida como o tempo decorrido até a ocorrência de um evento de interesse. Tais registros parciais de desempenho são denominados "censurados" e não devem ser eliminados das análises nem atribuídos valores arbitrários, o que resultaria em vício das estimativas (Ducrocq, 1994).

Pela forma como são obtidas, as características DIAS não representam a medida exata do tempo que o animal demora em alcançar o desempenho. Isto porque são oriundas da transformação do GMD. Assim, todo animal que possui GMD conhecido também terá registro de DIAS, mas essa relação não seria rigorosa se DIAS fosse obtido pela interpolação de pesagens periódicas em idades conhecidas, o que forneceria o registro mais próximo do real. Em decorrência disso, a censura, em sua essência, não irá ocorrer, mas poderá ser introduzida para eliminar registros discrepantes. Para exemplificar pode-se tomar uma situação citada por Oliveira (2003), referente a um rebanho com média de GMD de 495 gramas na fase pré-

desmama. Estes animais demorariam, em média, mais de 320 dias para ser desmamados, mas a desmama ocorre em torno dos 210 dias de idade. Isto implica que, na desmama, não teriam adquirido 160 quilogramas e, conseqüentemente, não teriam registro de D160 e seriam censurados. Se fosse possível conhecer o verdadeiro registro de DIAS, ou se este fosse obtido pela interpolação de pesagens, provavelmente uma porção considerável dos indivíduos seria censurada, especialmente incluindo aqueles com GMDs muito baixos. Cabe lembrar também que a transformação de GMD em DIAS supõe que o GMD é constante no período.

Em alguns estudos com bovinos leiteiros foram propostas alternativas para evitar a inclusão de registros censurados nas análises. Para Vukasinovic et al. (1999), a exclusão destes registros das análises ou a atribuição de valores exatos levariam a resultados viciados. O uso de indicadores indiretos também já foi proposto, mas acarreta perda de informação (Everett et al., 1976), e a reposição por registros projetados com base no desempenho até então disponível foi prejudicada por esta informação ter sido extremamente limitada no estudo (VanRaden e Klaskaate, 1993).

A distribuição normal, a qual é assumida em métodos de estimação BLUP (melhor estimador linear não viciado), geralmente não é adequada para descrever a função de densidade e probabilidade de dados de tempo para ocorrência de um determinado evento, por pelo menos duas razões (Dürr et al., 1999; Wallin et al., 2000). Características deste tipo claramente obedecem a uma distribuição não-normal, uma vez que se faz necessário definir "arbitrariamente" um momento no qual a medida será observada. A distribuição normal pode variar de menos infinito até mais infinito, mas tempo de sobrevivência logicamente não pode ser negativo. Além disso,

Smith e Allaire (1986) destacam que tais características normalmente possuem variação relativamente próxima à origem, tornando a distribuição com assimetria à direita, com esta porção da cauda maior que na distribuição normal. Uma distribuição comumente usada nestes casos é a distribuição de Weibull (Kalbfleisch e Prentice, 1980, apud Wallin et al., 2000). Outro aspecto relevante é que a perda de observações associada ao uso de variáveis dependentes do tipo binária (censurada x não-censurada) torna a utilização de modelos lineares gaussianos inadequada (Dürr et al., 1999). Segundo Kalbfleisch e Prentice (1980) apud Wallin et al. (2000), o método estatístico adequado para analisar observações censuradas é a análise de sobrevivência, que permite a inclusão dessas informações, tornando-a assim uma classe de modelos mais atraente para este fim. Quando obtida pela transformação do GMD, a ocorrência de censuras em DIAS é muito reduzida e por isso não constitui um fator complicador na análise, tal qual para estudos de longevidade. Ainda assim, o emprego de análise de sobrevivência é justificado por considerar a assimetria da distribuição.

O "Survival Kit" é um conjunto de programas editados em FORTRAN com grande aplicação, que utiliza distribuição Weibull e que permite a aplicação de modelo animal (Dürr et al., 1999) em análise de sobrevivência. O programa suporta a inclusão de um grande número de covariáveis fixas, que podem ser discretas ou contínuas, e isto dependerá apenas da memória computacional disponível. Por outro lado, vários efeitos aleatórios podem ser especificados no mesmo modelo, mas apenas um que envolva a matriz de parentesco. Os modelos que incluem efeitos aleatórios - modelos mistos de sobrevivência - são também denominados "frailty models".

Com o uso do "Survival Kit" é possível estimar a função de risco, a função de sobrevivência e obter as soluções para efeitos fixos e aleatórios (genéticos) baseando-se na máxima verossimilhança, o que não acontece com outros aplicativos que fazem análise sob este método, tais como o "Statistical Analysis System" (SAS, 1990), no qual só é possível aplicação de modelos fixos.

Sob a abordagem da análise de sobrevivência a variável "tempo" é denominada tempo de sobrevivência e o evento de interesse, falha. O tipo de censura mais comum é à direita, pois, a partir da representação gráfica do tempo de sobrevivência, observa-se que a interrupção se dá à direita, no sentido em que o intervalo de tempo aumenta (Kleinbaum, 1996). Esta metodologia tem sido amplamente empregada em estudos de longevidade de vacas leiteiras, e o aplicativo disponível permite tanto o uso de modelo touro como animal, mas com somente um efeito genético (Ducrocq e Sölkner, 1994), sendo esta a sua principal restrição para a análise de dados de bovinos de corte, especialmente de características medidas até a desmama.

As estimativas dos parâmetros dos modelos utilizados em análise de sobrevivência são derivadas pela maximização da função de verossimilhança, tal qual ocorre com modelos lineares. A fórmula da função de verossimilhança destes modelos é denominada função de verossimilhança parcial, porque são consideradas apenas as probabilidades para aqueles indivíduos que falharam, e as probabilidades para os que foram censurados não são consideradas explicitamente. A verossimilhança parcial pode ser escrita como o produto de várias verossimilhanças, uma para cada tempo de falha. Assim, ao  $j$ -ésimo tempo de falha,  $L_j$  denota a verossimilhança de falha no tempo  $j$ , dada a sobrevivência até este tempo. O conjunto de

indivíduos sob risco ao  $j$ -ésimo tempo é chamado de grupo de risco, e este grupo irá mudar (diminuir) à medida que o tempo de falha aumenta. Assim, um indivíduo que foi censurado depois do  $j$ -ésimo tempo de falha é parte do grupo de risco usado para computar o tempo de sobrevivência  $L_j$ , mesmo tendo sido censurado depois (Kleinbaum, 1996). Percebe-se então que, para os indivíduos que foram censurados, a informação do tempo de sobrevivência anterior à censura é usada, e essa é uma importante vantagem desse tipo de análise.

A função de risco,  $h(t)$ , fornecida pela análise de sobrevivência, mede o potencial instantâneo, por unidade de tempo, para o evento ocorrer, dado que o indivíduo sobreviveu até o tempo  $t$  (por isso algumas vezes é chamada taxa de falha condicional). Esta taxa é descrita como o produto de uma função básica de risco  $\lambda_0(t)$ , representando o processo de envelhecimento, e uma função positiva das variáveis explanatórias que exercem efeito sobre a característica. Os efeitos destas variáveis podem ser estimados independentemente do tempo, a partir da função básica de risco, com um procedimento semiparamétrico. Conforme a complexidade do modelo utilizado, as análises tornam-se bastante pesadas e demandam muita capacidade computacional, mas a função básica de risco pode ser bem aproximada por uma distribuição Weibull, cuja forma é  $\lambda_p (\lambda t)^{p-1}$ . O modelo Weibull nada mais é do que um modelo exponencial generalizado. Enquanto o modelo exponencial é caracterizado por uma taxa de risco constante,  $\lambda_0(t) = \lambda$  (Ducrocq, 1994), para DIAS o modelo Weibull é do tipo crescente, já que com o aumento da idade do animal aumenta também o potencial para o animal falhar, isto é, alcançar o peso estipulado. Ambos modelos assumem que a taxa de risco de um indivíduo falhar é proporcional ao risco de qualquer

outro, onde a proporção constante é independente do tempo (Kleinbaum, 1996). O modelo Weibull, por sua vez, é o mais adequado para situações em que o tempo de falha é uma variável discreta com poucas categorias e muitas observações com o mesmo tempo de falha (elos). Outras vantagens são a facilidade do procedimento computacional e o pouco tempo consumido nas análises para estimar os parâmetros das distribuições dos efeitos aleatórios (Ducrocq e Sölkner, 1994).

A função de sobrevivência,  $S(t)$ , é outro termo quantitativo considerado na análise de sobrevivência. Esta função dá a probabilidade de que um indivíduo sobreviva além de um tempo específico ( $t$ ), e tanto pode ser obtida diretamente a partir das variáveis explanatórias, o que é mais fácil, como pela integral da função de risco (Ducrocq, 1994). Na sua essência, os conceitos das duas funções são opostos, pois enquanto  $S(t)$  enfoca a sobrevivência  $h(t)$  enfoca a falha, dada a sobrevivência observada até o tempo  $t$ . Outra diferença é que a função de risco pode variar de zero até mais infinito, enquanto a função de sobrevivência, por ser uma probabilidade, pode variar de zero a um.

Mesmo sendo recomendável a inclusão de registros censurados, estes podem causar impacto na classificação dos animais. Vukasinovic et al. (1999) observaram que as correlações entre os valores genéticos preditos a partir de registros censurados com registros não-censurados diminuía à medida que a porcentagem de censuras aumentava. Uma interferência desse tipo é relevante e requer cuidado no estabelecimento do conjunto de dados para análise e na interpretação dos resultados.

Qualquer que seja a característica escolhida para constituir o critério de seleção dos animais em um rebanho, estes deverão ter sua

genealogia conhecida e seus desempenhos corretamente e sistematicamente registrados. Identificar animais com elevado potencial genético para um determinado desempenho pode depender tanto de identificar qual a melhor forma de medi-lo, como da correta utilização da metodologia de análise e de predição dos valores genéticos.

### **Crescimento pós-desmama**

O desempenho do animal é consequência do seu potencial para crescimento. No período pós-desmama o crescimento está mais relacionado com a capacidade de ganho em peso do próprio indivíduo e reflete melhor a diferença entre os animais do que na fase que antecede a desmama. Quanto aos efeitos de ambiente mais relevantes nessa fase pode-se destacar a época e o ano de nascimento do animal, representando as mudanças do clima e sua interferência na disponibilidade e qualidade das pastagens ao longo do ano e de um ano para outro; o sexo do bezerro, em que machos têm melhores desempenhos; o rebanho, que reflete diferenças de manejo, climáticas, tecnológicas, etc.; o manejo alimentar, que pode ser em pastagem, em pastagem com suplementação ou confinado; e a idade do bezerro, que precisa ser padronizada, dentre outros. Para fins de predição do valor genético, preconiza-se o agrupamento dos animais segundo rebanho, manejo alimentar, sexo e época de nascimento do bezerro, com o objetivo de contemplar as possíveis interações entre tais efeitos, aumentando a acurácia da avaliação dos animais.

Provavelmente o conceito mais compreendido e utilizado em melhoramento animal é o da herdabilidade, a qual mede o grau de relação entre o valor fenotípico e o genético de uma característica em uma



população. A herdabilidade tem papel importante na predição do valor genético e da diferença esperada na progênie. As equações usadas na predição destes valores são quase sempre funções da herdabilidade, uma vez que esse parâmetro indica quão conservativa a predição deve ser (Bourdon, 1997).

Em extensa revisão sobre parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos de corte de raças zebuínas, Mercadante et al. (1995) obtiveram média de herdabilidade para ganho da desmama a um ano de idade igual a 0,27. Para a raça Nelore, Eler et al. (1996) e Albuquerque e Fries (1996) estimaram a herdabilidade direta do ganho em peso pós-desmama e encontraram valores iguais a 0,24 e 0,25, respectivamente, indicando variabilidade passível de ser explorada por seleção.

Para D240, Valle Garnero (1999) obteve, em rebanhos Nelore, estimativa de herdabilidade direta igual a 0,18, em análise unicaráter. Em análise bicaráter a herdabilidade obtida foi reduzida para 0,14. Albuquerque e Fries (1996) obtiveram 0,25 para GMD pós-desmama e 0,36 para D240, indicando ser possível a obtenção de progresso genético da velocidade de crescimento por seleção. Ortiz Peña (1998) obteve herdabilidades de 0,24 e 0,18 e Oliveira (2003) de 0,26 e 0,23, para as mesmas características. A herdabilidade estimada para D140 por Ortiz Peña (1998) foi de 0,18, equivalente à obtida para D240. Vale ressaltar que ambas são medidas na mesma fase, pois consideram o GMD entre a desmama e o sobreano, de modo que a diferença entre as duas características é apenas a constante (140 vs. 240), que constitui o numerador da fórmula. Nos estudos de Oliveira (2003) e de Ortiz Peña (1998), a magnitude da herdabilidade estimada para DIAS não superou a de GMD, e muito embora as duas classes de variáveis possam ser exploradas por seleção, esta parece

ser mais vantajosa para os ganhos. Assim, se a vantagem da utilização de DIAS é avaliada pela magnitude de sua herdabilidade, então ela ainda não está evidenciada.

De acordo com Oliveira (2003), tais diferenças nas estimativas podem retratar, no caso específico das características DIAS, a diferença na estrutura dos dados em relação à distribuição dos animais, de acordo com as médias dos grupos de contemporâneos, ou à própria variação entre os grupos de contemporâneos quanto à média do GMD. Isto porque, quando há heterogeneidade de variância, as estimativas dos componentes de variância genética e residual representam uma média das variâncias, e a distribuição dos indivíduos e de seus parentes nos grupos com maior ou menor variação irá resultar na maior ou menor magnitude dos componentes estimados.

A variável DIAS, segundo proposto por Fries et al. (1996), é calculada como uma constante dividida pelo ganho de peso médio diário no período, e muito embora a distribuição desta nova variável não seja normal, todos os trabalhos comparando as duas metodologias vêm sendo realizados utilizando modelos gaussianos, tais como os estudos de Albuquerque e Fries (1996), Ortiz Peña (1998), Muniz (2001) e Marcondes et al. (2000).

A divisão de uma constante por uma variável de distribuição normal gera como principal efeito a heterogeneidade de variância. Esta heterogeneidade pode ser claramente notada entre os grupos de contemporâneos com diferentes médias, para a qual Carvalheiro (2000) propôs, como forma de amenizar o problema, o uso de fatores de correção para efeitos fixos antes das análises. Este procedimento também foi utilizado por Ortiz Peña (1998) e por Muniz (2001), no intuito de reduzir a heterogeneidade de variância entre os grupos. Entretanto, dentro dos

grupos de contemporâneos a distribuição dos dados também não é normal, existe a heterogeneidade e não há maneira de reduzi-la, especialmente quando se considera modelo gaussiano para análise dos dados (Oliveira, 2003).

De acordo com Dürr et al. (1999), o melhor modelo usado para estimar parâmetros genéticos deveria fornecer maiores estimativas de herdabilidade, e essas mudanças são esperadas em virtude dos modelos aumentarem sua habilidade em distinguir os efeitos de ambiente e, conseqüentemente, isolar a variância aditiva associada com a característica de interesse. Assim, se a análise de sobrevivência de fato fornecer melhor descrição do tempo de falha que os modelos lineares, então se espera obter maiores estimativas de herdabilidade para as características DIAS empregando-se esta metodologia.

Uma vez que uma importante diferença ao se empregar modelos lineares e de sobrevivência está na quantidade de registros que podem ser analisados, pois a análise de sobrevivência permite incluir registros parciais de desempenho, também por isso os resultados podem diferir daqueles obtidos por modelos lineares. Sob certas pressuposições, é possível definir a correta contribuição da verossimilhança de tais registros e então a metodologia de verossimilhança convencional pode ser aplicada. Danner et al. (1993) apud Essl (1998) compararam os valores genéticos de touros leiteiros para permanência de suas filhas no rebanho, obtidos por análise de sobrevivência com aqueles obtidos por BLUP, os quais foram artificialmente restritos a sete diferentes graus de censura. Como referência, foi utilizado um conjunto de dados cujos touros, avaliados por BLUP, não possuíam filhas censuradas. As correlações entre classificações de avaliações obtidas por análise de sobrevivência e avaliações obtidas com os dados de referência

foram maiores em todas as classes de censura, em relação às aquelas obtidas por BLUP. Conforme esperado, as maiores diferenças foram encontradas quando o grau de censura foi alto.

Vollema e Groen (1998) também compararam os valores genéticos preditos para longevidade de vacas leiteiras obtidos com diferentes métodos, e concluíram que o fato da análise de sobrevivência considerar dados censurados, inclusive, justifica as diferenças nos resultados obtidos em relação ao método BLUP. A herdabilidade estimada por análise de sobrevivência foi menor que aquela obtida por BLUP, ao contrário do que se esperava, mas isto pode ter ocorrido em função da utilização de diferentes modelos.

### **Resposta à seleção**

A medida tipicamente adotada para a efetividade da seleção é a taxa de ganho genético resultante do processo. Teoricamente, essa taxa pode ser maximizada, e uma das maneiras é escolher os animais com os maiores valores genéticos para serem os reprodutores. Uma vez que o valor genético não pode ser conhecido, mas apenas predito, a acurácia de predição, e conseqüentemente o método empregado, assumem papel fundamental.

Analisando D160 e GMD na pré-desmama, Simonelli et al. (2000) observaram que a maioria dos animais selecionados por um critério não seria pelo outro. A partir de rebanhos da raça Gir, Muniz (2001) estimou resposta à seleção positiva, porém baixa, para efeito genético direto do GMD pré-desmama. A autora concluiu que tanto a seleção para DIAS como para GMD do nascimento à desmama produz respostas semelhantes, mas que o critério de seleção adotado influencia a classificação dos animais. Muniz (2001) comparou o GMD e D160 como critérios de seleção na pré-desmama e

constatou que, para as diferentes categorias estudadas, menos de 50% dos animais mantiveram a classificação quando o critério de seleção era modificado. Para a categoria de touros, a melhora na classificação pelo segundo critério foi atribuída à maior uniformidade do desempenho de suas progênes. Ortiz Peña (1998) verificou que, quanto maior a pressão de seleção considerada, menor a proporção de animais coincidentes e que estas diferenças foram ainda mais acentuadas na pós-desmama. Considerando que a mudança na classificação reflete diretamente no resultado da seleção, mas que no estudo de Oliveira (2003) deveu-se exclusivamente à heterogeneidade de variância, é recomendável examinar como se comportariam as classificações dos animais quando avaliados sob metodologia apropriada.

Quanto à mudança na classificação segundo o critério utilizado, Ortiz Peña (1998) chegou a conclusão similar à de Muniz (2001), ao observar que alguns dos indivíduos selecionados por um dos critérios seriam também selecionados pelo outro, mas que nem todos seriam coincidentes. No período pós-desmama a classificação dos animais segundo os critérios de seleção avaliados foi ainda mais afetada do que na fase anterior. Segundo o autor, este resultado sugere o maior poder discriminatório existente na fase inicial de crescimento. A porcentagem de não coincidência chegou a 54 %, quando a categoria analisada foi a de touros. O autor ressalta que a velocidade de crescimento pode ser modificada por meio da seleção baseada em qualquer uma das características estudadas, mas não demonstra que melhores resultados podem ser obtidos pela seleção para DIAS em quaisquer das fases. Sobre a mudança na classificação dos animais em função do critério utilizado, Oliveira (2003) demonstrou que não há outras

possíveis causas aparentes que não a heterogeneidade de variância observada nas características DIAS.

Segundo Valle Garnero (1999), o melhoramento para DIAS dependerá, em grande parte, de mudanças nas condições ambientais, uma vez que em seu estudo, ambas características apresentaram baixas herdabilidades, inviabilizando sua adoção como critério de seleção. Além disso, a autora verificou que maior ganho genético no peso final pode ser obtido se a seleção for feita para pesos padronizados aos 120 e aos 240 dias, e não para D160 e D240, o que torna mais vantajosa a utilização dos pesos como critério de seleção para características de crescimento visando a precocidade dos animais. Oliveira (2003) alertou que a utilização de DIAS em substituição a *GMD* como critério de seleção, pode provocar redução na velocidade de mudança genética no *GMD* tanto na pré como na pós-desmama. A magnitude desta redução é inversamente proporcional à média do *GMD*.

De acordo com Fries e Albuquerque (1999), a mudança de critérios de seleção a favor do diferencial de peso num período de tempo fixo (*GMD*) para a seleção contra o tempo (DIAS) para produzir uma unidade de produto pré-estabelecida não será sem conseqüências. Segundo estes autores, o ganho genético não deve ser menor que o obtido utilizando-se ganho de peso até a desmama e pós-desmama, mas o maior benefício da utilização destes critérios pode ser uma reformulação de conceitos por parte dos pecuaristas. Em vez de perseguir o maior indefinidamente, os esforços seriam direcionados para aumentar o número de unidades de produtos no menor período possível.

Oliveira (2003) ressaltou que a transformação de uma variável aleatória com distribuição normal em sua inversa, conforme proposto por Fries (1996), precisa ser mais estudada, principalmente por sua distribuição

desconhecida e pela heterogeneidade de variância gerada. Pelos resultados obtidos por Oliveira (2003), ficou demonstrado que o modelo de análise de dados de GMD não pode ser apropriado para análise de DIAS, e que a predição dos valores genéticos para DIAS será menos acurada que para GMD.

Apesar da ampla divulgação de suas supostas vantagens, e de já terem sido adotadas em programas de melhoramento genético como critérios de seleção, são poucos os estudos abordando as características DIAS, certamente em virtude de sua utilização ter sido proposta recentemente. Os resultados obtidos a partir de modelos lineares são controversos e todos esses fatos justificam a realização de mais estudos. Além disso, apesar de mais apropriada, em nenhum deles foi empregada a análise de sobrevivência. Para Dürr et al. (1999), uma vez que as principais dificuldades de estimação de efeitos aleatórios e de aplicação de modelos mistos de sobrevivência já foram superadas, e que um aplicativo que utiliza modelos de riscos proporcionais está disponível, não existe motivo prático que justifique a não utilização de análise de sobrevivência quando esta for a alternativa mais adequada.

Este trabalho tem como objetivo geral comparar critérios de seleção para aumentar a precocidade de crescimento dos animais, utilizando-se métodos apropriados para estimar componentes de variância e prever os valores genéticos dos animais para cada característica estudada.

O Capítulo 2, denominado **COMPARAÇÃO DE MÉTODOS DE AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO POR MEIO DE ESTUDO DE SIMULAÇÃO**, apresenta-se de acordo com as normas para publicação na **Revista Brasileira de Zootecnia**. Os objetivos

deste trabalho foram comparar os métodos disponíveis para avaliação genética dos animais para a característica DIAS e avaliar o impacto e as respostas esperadas à seleção para cada um dos critérios estudados, por meio das correlações entre classificações dos animais.

O Capítulo 3, denominado *COMPARAÇÃO DOS CRITÉRIOS DE SELEÇÃO GANHO MÉDIO DIÁRIO E DIAS PARA GANHAR 140 KG NA FASE PÓS-DESMAMA DE BOVINOS DA RAÇA NELORE*, apresenta-se de acordo com as normas para publicação na **Revista Brasileira de Zootecnia**. Os objetivos deste trabalho foram obter componentes de variância e parâmetros genéticos para D140 e GMD na fase pós-desmama (GMDPD) utilizando-se modelos mistos de sobrevivência e modelos lineares mistos e avaliar o impacto e as respostas esperadas no GMDPD, decorrentes da seleção para cada um dos critérios estudados.



### Literatura Citada

- ALBUQUERQUE, L.G.; FRIES, L.A. Conseqüências genéticas de selecionar pelo numerador ou contra o denominador do GMD. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE RAÇAS ZEBUÍNAS, 2., 1996, Uberaba, **Anais...** Uberaba: ABCZ, 1996.
- BOURDON, R.M. **Understanding animal breeding**. New Jersey: Prentice Hall, 1997. 523p
- CARVALHEIRO, R. **Flexibilizando a matriz R na predição de valores genéticos**. 2000. 107 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal, Universidade Estadual Paulista, São Paulo.
- DANNER et al. (1993) apud ESSL, A. 1998, p.85
- DUCROCQ, V. Statistical analysis of lenght of productive life for dairy cows of the Normande breed. **Journal of Dairy Science**, v. 77, n. 3, p. 855-866, 1994.
- DUCROCQ, V.; SÖLKNER, J. "The Survival Kit", a Fortran package for the analysis of survival data. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 5., 1994, Guelph. **Proceedings...** Canadá: 5WCGALP, 1994. v.22, p. 51-52.
- DÜRR, J.W.; MONARDES, H.G.; CUE, R.I. Genetic analysis of herd life in Quebec Holsteins using Weibull models. **Journal of Dairy Science**, v. 82, n. 11, p. 2503-2513, 1999.
- ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; SILVA, P.R. Estimação simultânea de parâmetros genéticos para características de importância econômica na raça nelore, com a utilização de modelos animais. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33., Fortaleza, 1996. **Anais...** Viçosa: SBZ, p. 99-101.
- ESSL, A. Longevity in dairy cattle breeding: a review. **Livestock Production Science**, v. 57, p. 79-89, 1998.

- EVERETT, R.W.; KEOWN, J.F., CLAPP, E.E. Production and stayability trends in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 59, p. 1532-1539, 1976.
- FRIES, L.A. Precocidade, precocidade e precocidade. In: SEMINÁRIO NACIONAL. Revisão de critérios de julgamento e seleção em gado de corte, 1996, **Anais...** Uberaba: ABCZ, 1996.
- FRIES, L.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Prenhez aos catorze meses: presente e futuro. Elementos do componente genético. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 36., Porto Alegre, 1999. **Anais...** Viçosa: SBZ, p. 227-238.
- FRIES, L.A.; BRITO, F.V.; ALBUQUERQUE, L.G. Possíveis conseqüências de seleção para incrementar pesos às idades-padrão vs reduzir idades para produzir unidades de mercado. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33., Fortaleza, 1996. **Anais...** Viçosa: SBZ, p. 310-312.
- KALBFLEISCH e PRENTICE (1980) apud WALLIN, L.; STRANDBERG, E.; PHILIPSSON, J.; DALIN, G., 2000, p. 278.
- KLEINBAUM, D.G. **Survival analysis: a self-learning text**. New York: Springer-Verlag, 1996. 324p.
- MARCONDES, C.R.; BERGMANN, J.A.G.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; PEREIRA, J.C.C.; PENNA, V.M. Análise de alguns critérios de seleção para características de crescimento na raça Nelore. **Arquivo de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 52, n. 1, p. 83-89, 2000.
- MERCADANTE, M.E.Z.; LÔBO, R.B.; REYES, A. Parámetros genéticos para características de crecimiento en cebuínos de carne. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**, v. 3, n. 1, p. 45-89, 1995.
- MUNIZ, C.A.S.D. **Estudo de dois critérios de seleção na pré-desmama de bovinos da raça Gir**. 2001. 130 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal, Universidade Estadual Paulista, São Paulo.

- OLIVEIRA, H.N. **Comparação de critérios de seleção em gado de corte.** 2003. 150 f. Tese (Livre Docência) - Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, São Paulo.
- ORTIZ PEÑA., C.D. **Análise de critérios de seleção para precocidade sexual e de crescimento de bovinos da raça Nelore, no Paraguai.** 1998. 143 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal, Universidade Estadual Paulista, São Paulo.
- SAS Institute In. **SAS User's guide: basics.** Vers. 6.11. Cary, SAS Institute, 1990.
- SIMONELLI, S.M.; SILVA, M.A.; SILVA, L.O.C.; FONTES, C.A.; TORRES, R.A.; MARTINS, E.N.; SAKAGUTI, E.S. Critérios de seleção para características de crescimento no período pré-desmame em bovinos da raça Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., Piracicaba, 2001. **Anais...** Viçosa: SBZ, p. 675-677.
- SMITH, S.P.; ALLAIRE, F.R. Analysis of failure times measured on dairy cows, theoretical considerations in animal breeding. **Journal of Dairy Science**, v. 69, p. 217-227, 1986.
- VALLE GARNERO, A. del **Comparação de critérios de seleção em gado de corte visando precocidade de crescimento.** 1999. 87 f. Dissertação (Mestrado em Ciências) - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, São Paulo.
- VAN RADEN, P.M.; KLAASKATE, E.H.J. Genetic Evaluation of length of productive life including predicted longevity of live cows. **Journal of Dairy Science**, v. 76, p. 2758-2764, 1993.
- VOLLEMA, A.R.; GROEN, A.F. A comparison of breeding value predictors for longevity using a linear model and survival analysis. **Journal of Dairy Science**, v. 81, p. 3315-3320, 1998.
- VUKASINOVIC, N; MOLL, J.; KÜNZI, N. Genetic evaluation for length of productive life with censored records. **Journal of Dairy Science**, v. 82, p. 2178-2185, 1999.

WALLIN, L.; STRANDBERG, E.; PHILIPSSON, J.; DALIN, G. Estimates of longevity and causes of culling and death in Swedish warmblood and coldblood horses. **Livestock Production Science**, v. 63, p. 275-289, 2000.

## CAPÍTULO 2

### COMPARAÇÃO DE MÉTODOS DE AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO POR MEIO DE ESTUDO DE SIMULAÇÃO

## **Comparação de Métodos de Avaliação Genética de Características de Crescimento por meio de Estudo de Simulação**

### **RESUMO**

Este trabalho teve como objetivo comparar os métodos disponíveis para avaliação genética dos animais para a característica dias para se alcançar um peso (DIAS) e avaliar o impacto e as respostas esperadas à seleção para ganho médio diário (GMD) e DIAS, por meio das correlações entre classificações dos animais. Foram gerados 20 arquivos de dados, referentes a populações de 1.000 animais cada, distribuídos em quatro conjuntos de variâncias com cinco replicações cada. Todos os indivíduos possuíam registros para duas características; uma simulada com distribuição normal (GMD) e sua inversa (DIAS). Para GMD e DIAS analisados com modelo linear (DIAS\_M) e para DIAS com modelo Weibull em análise de sobrevivência (DIAS\_S), foram incluídos os efeitos de grupo de contemporâneos e o genético direto. As herdabilidades de GMD, DIAS\_M e DIAS\_S foram, respectivamente, de 0,50 a 0,52, de 0,52 a 0,59, de 0,35 a 0,58, para os quatro conjuntos analisados. As maiores correlações de Pearson e de Spearman entre os valores preditos e o real envolveram GMD, em todos os conjuntos. Entre o valor genético predito para DIAS\_M e o real, as maiores correlações foram obtidas nos conjuntos com menor variação, e para DIAS\_S nos de maior. Quando a variação foi reduzida, a relação de GMD e DIAS\_M foi maior que com DIAS\_S. A análise de sobrevivência é o método mais apropriado para descrever DIAS, e os resultados tendem a se aproximar daqueles obtidos para GMD. A comparação entre os critérios demonstrou que a predição do valor genético a partir de DIAS\_M é menos acurada do que de DIAS\_S e GMD.

**Palavras-Chave:** análise de sobrevivência, bovinos de corte, crescimento, simulação.

## **Comparison of method for genetic evaluation of growth traits using simulation study**

### **ABSTRACT**

The objective of this study was to compare the available methods for genetic evaluation of animals for the trait days to gain (DIAS) and to evaluate the impact and the expected response to selection for weight daily gain (GMD) and DIAS, using the correlations among classifications of animals. For that, 20 data files were generated, regarding populations of 1000 animals each, distributed into four groups of variances with five replications each. All individuals had records for two traits; a simulated one with normal distribution (GMD) and its inverse one (DIAS). For GMD and DIAS analyzed by linear model (DIAS\_M) and for DIAS by model Weibull in survival analysis (DIAS\_S), the effects included were the contemporary group and the direct genetic ones. Heritabilities of GMD, DIAS\_M and DIAS\_S varied, respectively, from 0.50 to 0.52, 0.52 to 0.59 and 0.35 to 0.58, for the four analyzed groups. The highest Pearson's and Spearman's correlations between the predicted and the real values involved GMD, in all groups. Between the predicted genetic value for DIAS\_M and the real one, the highest correlations were obtained in the groups with smaller variation, and for DIAS\_S in the groups with larger variation. When the variation was reduced, the relationship between GMD and DIAS\_M was higher than with DIAS\_S. Survival analysis is the most appropriate method to describe DIAS, and the results approached those obtained for GMD. Comparison among the criteria showed that the predicted genetic value from DIAS\_M is less accurate than from DIAS\_S and GMD.

**Key words:** survival analysis, beef cattle, growth, simulation.



## Introdução

O método da máxima verossimilhança restrita e dos modelos lineares mistos considerando distribuição normal dos valores genéticos e dos resíduos são os mais amplamente utilizados para obtenção de componentes de (co)variância e avaliação genética em melhoramento genético animal, tanto por suas propriedades e praticidade como pela disponibilidade de aplicativos para este fim. No entanto, algumas pressuposições desta metodologia não são adequadas para características medidas em função do tempo, os quais possuem distribuição assimétrica e incluem registros incompletos, ditos censurados. Este é o caso das características dias para ganhar 160 quilogramas no período pré-desmama (D160), dias para ganhar 140 quilogramas da desmama aos 550 dias de idade (D140) e dias para ganhar 240 quilogramas da desmama ao abate (D240), que conforme constatado por Ortiz Peña (1998), Valle Garnero (1999) e Oliveira (2003), claramente obedecem a uma distribuição diferente da normal. Segundo Kalbfleisch e Prentice (1980) apud Wallin et al. (2000), o método estatístico adequado para analisar observações deste tipo é a análise de sobrevivência. Ducrocq e Sölkner (1994) desenvolveram o programa Survival Kit que utiliza distribuição Weibull e que permite a aplicação de modelo animal neste tipo de análise.

Uma vez que as principais dificuldades de estimação empregando-se modelos mistos de sobrevivência já foram superadas, com a elaboração de um aplicativo que analisa sob modelos de riscos proporcionais, não existe justificativa para a sua não utilização (Dürr et al., 1999) em características deste tipo. Mesmo assim, nos estudos envolvendo as características D160,

D140 e D240 desenvolvidos até o momento, inclusive propondo a seleção por esses critérios em substituição a outros usualmente adotados e de comprovada eficácia, foram empregados modelos lineares para estimação dos componentes de variância e predição do valor genético. Nos estudos de Oliveira (2003), Valle Garnero (1999), Muniz (2001) e Ortiz Peña (1998) foram observadas menor herdabilidade e nenhuma ou pouca vantagem da seleção para DIAS, em relação ao ganho médio diário (GMD) ou peso vivo, além de expressiva diferença na classificação dos animais segundo o critério analisado. Enquanto Fries e Albuquerque (1999) e Muniz (2001) sugerem que touros com progênes mais uniformes seriam favorecidos pelas características DIAS, comparando com GMD, Oliveira (2003) atribuiu as diferenças nas classificações à heterogeneidade de variância, decorrente da forma de cálculo das características DIAS. Este autor ressaltou que a utilização de DIAS como critério de seleção pode resultar em redução na velocidade de mudança genética do GMD e que esta redução é inversamente proporcional à média do GMD. Isto porque a variância de DIAS diminui em função do aumento na média do GMD. Nos grupos de contemporâneos em que a variação de DIAS é maior, torna-se mais fácil a discriminação dos animais pelas suas diferenças em DIAS do que naqueles em que a média do GMD é maior, com menor a variação de DIAS. Desta forma, os animais com elevado valor genético predito para GMD dificilmente terão valor predito também alto para DIAS.

Ao comparar valores genéticos de uma mesma característica, preditos a partir de modelos lineares, com aqueles obtidos por análise de sobrevivência, Vollema e Groen (1998) constataram que diferentes métodos resultaram em diferentes classificações dos touros avaliados. Embora os

autores tenham atribuído as diferenças nas classificações aos dados usados, que para modelos lineares incluíam apenas registros completos (não-censurados), enquanto para análise de sobrevivência havia também os censurados, o uso desta metodologia é o mais indicado para registros de tempo e talvez por isso forneça acurácias mais elevadas.

De acordo com Oliveira (2003), a utilização de dados simulados é uma maneira eficiente de comparar metodologias ou critérios, pois só dessa forma é possível conhecer os verdadeiros parâmetros das distribuições. Em seu estudo, o autor comparou DIAS e GMD utilizando modelos lineares, e os mesmos conjuntos de dados foram utilizados neste estudo para comparar os critérios, acrescentando a característica DIAS analisada com modelos mistos de sobrevivência. Uma das hipóteses levantadas por Oliveira (2003) e averiguada neste estudo foi de que, quando analisada com métodos robustos, DIAS apresentaria resultados mais aproximados daqueles obtidos para GMD. Sendo assim, os objetivos deste trabalho foram (i) comparar os métodos disponíveis para avaliação genética dos animais para a característica DIAS, a fim de identificar qual metodologia é a mais apropriada; e (ii) avaliar o impacto e as respostas esperadas à seleção para cada um dos critérios estudados, por meio das correlações entre classificações dos animais.

## Material e Métodos

### Dados

Os dados utilizados neste estudo foram simulados e analisados por Oliveira (2003), utilizando o procedimento IML, do SAS (1990). Foram gerados 20 arquivos de dados, referentes a populações constituídas de 1.000 animais cada, todos possuindo registros para duas características hipotéticas. Cada população foi constituída de cinco gerações de 200 indivíduos cada, sendo os dez primeiros machos e as 50 primeiras fêmeas aleatoriamente atribuídos como pais dos animais da próxima geração. Para caracterizar ausência de seleção, o processo de escolha dos pais de cada indivíduo, dentro da geração, foi aleatório. Aqueles pertencentes à primeira geração não tinham ancestrais conhecidos.

Os valores genéticos e residuais foram gerados para os indivíduos da primeira geração assumindo-se distribuição normal. Quatro diferentes variâncias foram assumidas, uma para cada população; cada uma foi repetida em cinco replicações, originando os 20 arquivos de dados. Cabe salientar que as mais elevadas são as que mais se aproximam daquelas observadas para a característica *GMD* em rebanhos reais e foram simuladas com o objetivo de representar tais situações. As variâncias utilizadas para gerar os valores genéticos e residuais foram iguais entre si em cada população, de modo que a herdabilidade da característica gerada pela soma dos dois valores foi sempre igual a 0,50, representando um limite máximo da herdabilidade para a característica.

Somando-se os valores genéticos e residuais gerados a uma constante igual a 80 foi criado um valor aleatório para cada animal. Para cada geração os indivíduos foram atribuídos aleatoriamente a um dentre quatro grupos de contemporâneos. Um valor fixo, par, entre zero e 40, sempre crescente a partir da geração anterior, foi então somado ao valor de cada animal dentro de cada grupo. Sendo assim, na primeira geração os grupos receberam valor entre zero e oito e na última, entre 34 e 40. Todo este procedimento deu origem a uma variável que representa uma característica com distribuição normal, denominada *GMD*. Esta, por sua vez, foi transformada em sua inversa e multiplicada por 100, originando a variável *DIAS*. Este procedimento foi repetido para cada geração, sendo o valor genético para as gerações seguintes gerado a partir da soma da média dos valores genéticos dos pais, mais a segregação amostral mendeliana.

As variâncias genética e residual apresentadas na Tabela 1 foram escolhidas de modo a fornecer uma perspectiva do efeito da magnitude destes parâmetros sobre as características. *GMD* representa uma característica com distribuição normal, como o ganho médio diário em bovinos, enquanto *DIAS* representa a característica dias para atingir determinado peso. Os valores menores que dez por cento da média de *GMD* foram truncados, e os *DIAS* correspondentes assumidos como censurados. Este ponto de truncamento do *GMD* foi adotado para eliminar valores discrepantes, inferiores aos limites fisiológicos aceitos para a característica, que originam valores excessivamente altos para *DIAS*. Tais valores ocorreram apenas em dois a três animais do conjunto de maior variação, dependendo da replicação. Oliveira (2003) demonstrou que esta

proporção de registros truncados não deve afetar de maneira importante a distribuição das características DIAS e GMD.

Tabela 1 - Valores das variâncias genética aditiva e residual utilizados na simulação e do desvio padrão fenotípico esperado para a característica gerada com distribuição normal

	Conjunto			
	I	II	III	IV
$\sigma_a^2 = \sigma_e^2$	25	100	225	400
$\sigma_p$	7,07	14,14	21,21	28,28

$\sigma_a^2$  = variância genética aditiva;  $\sigma_e^2$  = variância residual;  $\sigma_p$  = desvio padrão fenotípico.

### Modelo Linear

Para GMD e DIAS (DIAS\_M) os componentes de (co)variância foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita, sob modelo animal, utilizando-se o aplicativo MTDFREML (Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood), desenvolvido por Boldman et al. (1995). O modelo de análise pode ser representado como:

$$y = X\beta + Za + e$$

em que:

y = vetor das observações;

X = matriz de incidência dos efeitos fixos;

$\beta$  = vetor dos efeitos fixos;

$Z$  = matriz de incidência dos efeitos genéticos diretos;

$a$  = vetor dos efeitos genéticos diretos;

$e$  = vetor dos erros aleatórios associados às observações.

Assumiu-se que os efeitos genéticos aditivos e residuais não eram correlacionados entre si. Considerou-se que a convergência foi atingida quando a variância dos valores da função de verossimilhança foi menor que  $10^{-9}$ . Para assegurar que este valor alcançado foi o máximo global, as análises foram refeitas utilizando-se como valores iniciais, aqueles obtidos na análise prévia.

### **Análise de Sobrevivência**

A característica DIAS (DIAS\_S) foi submetida à análise de sobrevivência. Para o indivíduo que teve o GMD truncado, seu registro de DIAS\_S foi censurado.

Por sugestão de Ducrocq (2002)<sup>1</sup>, foi obtido o desvio do valor observado de DIAS de cada indivíduo em relação ao menor tempo de sobrevivência observado no grupo de contemporâneos correspondente. Isto porque, segundo o autor, a razão freqüente pela qual os dados não obedecem à distribuição Weibull é que não existem registros não-censurados de DIAS no ponto de origem. Para contornar esse problema o menor tempo dentro de

cada grupo de contemporâneos foi considerado o tempo zero e usado como origem.

O modelo Weibull, um tipo de modelo de riscos proporcionais adequado para a análise de dados de sobrevivência (Ducrocq et al., 1988), foi usado, e as análises foram feitas por meio do aplicativo "Survival Kit" (Ducrocq e Sölkner, 2000).

Inicialmente foram estimados o parâmetro  $r$  (rho), que define a forma da curva, e o componente de variância de touro, empregando-se modelo de touro. Em seguida o parâmetro  $r$  e a variância genética estimada foram fixados e a análise refeita, mas desta vez sob modelo animal para obtenção dos valores genéticos preditos. Em ambas análises foi alcançada convergência de  $1 \times 10^{-8}$ . O modelo animal utilizado nas análises para obtenção das soluções pode ser representado como:

$$h(t, w(t)) = \lambda \rho (\lambda t)^{\rho-1} \exp \{w(t)' \theta\}$$

em que:

$h(t, w(t))$  = função de risco de um indivíduo, dependente do tempo  $t$  (dias decorridos até alcançar determinado desempenho);

$\lambda \rho (\lambda t)^{\rho-1}$  = função básica de risco (relacionada com a idade), com distribuição Weibull;

$\lambda$  e  $\rho$  = parâmetros locação e forma da função básica de risco Weibull;

$\theta' = \{b' u'\}$  = vetor de covariáveis fixas ( $b$ ) e aleatórias ( $u$ ) com uma matriz de incidência  $w(t)'$ ;

$w(t)'$  = matriz de incidência  $\{x(t)' z(t)'\}$  tempo independente.

---

<sup>1</sup> DUCROCQ, V. Survival Kit [mensagem pessoal]. Mensagem recebida por <epereira@lancernet.com.br> 9 out. 2002.



A parte exponencial do modelo acima pode ser representada como:

$$\{w(t) \theta\} = gc_i + a_j + e_{ij}$$

em que:

$gc_i$  = efeito fixo de grupo de contemporâneos;

$a_j$  = efeito genético direto, com distribuição normal multivariada;

$e_{ij}$  = efeito residual, com distribuição normal.

Em melhoramento animal, a maioria das características quantitativas é aproximada pela distribuição normal e alguns procedimentos básicos podem ser usados para estimação dos parâmetros genéticos. As distribuições paramétricas, usadas para características medidas em função do tempo, normalmente são oriundas de um conjunto de generalizações de distribuições exponenciais. A herdabilidade para características de sobrevivência normalmente é expressa em escala logarítmica e é relevante para análise linear de dados transformados em escala logarítmica, assumindo-se distribuição normal dos efeitos aleatórios, o que não é o caso de DIAS. Pode-se também obter a herdabilidade na escala original, conforme proposto por Ducrocq e Casella (1996), a qual é obtida a partir dos parâmetros da distribuição Weibull. Segundo Yazdi et al. (2002), esse não é o procedimento de estimação mais eficiente, pois diferentes combinações dos parâmetros Weibull podem levar a um similar ajuste dos dados, mas com diferentes herdabilidades. Por isso propuseram uma derivação alternativa para obter a herdabilidade na escala original, sem a necessidade de utilizar os parâmetros Weibull para sua obtenção:

$$h^2_{eff} = 4 \sigma^2_t / (\sigma^2_t + 1)$$

em que:

$h^2_{eff}$  = herdabilidade efetiva;

$\sigma^2_t$  = variância de touro.

De acordo com o autor, essa nova herdabilidade proposta é superior àquela de Ducrocq e Casella (1996), seu uso é recomendado para avaliações que usam a metodologia de riscos proporcionais e por isso foi utilizada para obtenção da herdabilidade de DIAS\_S.

### **Comparações entre os Critérios de Seleção**

Foram obtidas correlações entre valores genéticos preditos para as duas variáveis e o valor genético real, e entre as classificações dos indivíduos segundo cada critério. Para isso, foi utilizado o Procedimento CORR do aplicativo SAS (1990).

### **Resultados e Discussão**

As médias das estimativas dos componentes de variância de DIAS e GMD, analisadas sob modelo linear, estão apresentadas na Tabela 2 e sob análise de sobrevivência na Tabela 3.

Tabela 2 - Média das estimativas de variância genética aditiva e residual e de herdabilidade das cinco replicações de cada conjunto de variâncias geradas para as características geradas com distribuição normal (GMD) e aquelas obtidas pela inversão desta característica (DIAS\_M) utilizando-se modelos com pressuposição de distribuição normal

Característica	Parâmetro	Conjunto			
		I	II	III	IV
GMD	$\sigma^2_a$	27,745	101,10	238,95	401,833
	$\sigma^2_e$	25,17	97,917	218,759	393,381
	$h^2$	0,52	0,51	0,52	0,50
DIAS_M	$\sigma^2_a$	0,369	1,681	5,135	16,673
	$\sigma^2_e$	0,271	1,146	4,315	16,163
	$h^2$	0,57	0,59	0,54	0,52

$h^2$  = herdabilidade;  $\sigma^2_a$  = variância genética aditiva;  $\sigma^2_e$  = variância residual.

As herdabilidades estimadas para GMD foram próximas às utilizadas para simulação. Para DIAS\_M as estimativas foram decrescentes à medida que a variação aumentava. Comparando-se cada conjunto individualmente, as herdabilidades foram maiores que para GMD em todos os conjuntos, mas diferiram menos nos dois conjuntos com maior variação. Quando a variação foi menor, em torno de 25%, a herdabilidade de DIAS\_M foi maior.

Em estudos anteriores comparando as características DIAS e GMD, o GMD apresentou herdabilidade pouco superior à de DIAS (Albuquerque e Fries, 1996; Ortiz Peña, 1998; Muniz, 2001; Simonelli et al., 2001 e Oliveira,

2003). Por outro lado, Fries et al. (1996) observaram situação inversa, e a superioridade de uma ou outra pode depender da fase em que as características são estudadas, dentre outros fatores.

Tabela 3 - Parâmetros genéticos estimados com análise de sobrevivência, para característica DIAS em cada conjunto simulado

Conjunto	$\sigma^2_{\dagger}$	$h^2_{eff}$	$\rho$
I	0,10	0,35	2,15
II	0,11	0,39	1,89
III	0,17	0,58	1,57
IV	0,16	0,55	1,36

$\sigma^2_{\dagger}$  = variância de touro;  $h^2_{eff}$  = herdabilidade efetiva;  $\rho$  = parâmetro rho .

Para a característica DIAS\_S, as estimativas que mais se aproximaram daquela utilizada para GMD na simulação foram obtidas nos dois conjuntos com os maiores coeficientes de variação, mas superaram aquelas obtidas na análise anterior. Nos conjuntos simulados com menor variação (I e II) as herdabilidades foram inferiores, o que demonstra a interferência que os coeficientes de variação do GMD exercem na obtenção do parâmetro para DIAS, independente do método empregado. A maior distância entre a herdabilidade real para GMD e a estimada para DIAS\_S, observada nos dois primeiros conjuntos, indica que este método pode não ser o mais indicado para a análise de dados com essa estrutura.

Como os dados deste estudo são simulados e diferentes metodologias de análise estão sendo comparadas para a análise de DIAS, vale observar qual delas forneceu valor de herdabilidade mais próximo ao simulado. Neste caso, a maior aproximação foi obtida com o modelo linear. Entretanto, a herdabilidade em modelos não lineares não tem a mesma interpretação daquela observada em modelos lineares e esta observação tem que ser olhada com mais cuidado.

Um valor de  $\rho$  próximo da unidade significa que a distribuição foi próxima da exponencial, que é de risco constante ao longo do tempo (Neerhof et al., 2000). O valor maior que um e o sinal positivo, observados em todos os conjuntos, significam que a função básica de risco (do animal falhar), a qual é relacionada com o envelhecimento, aumenta com o tempo. Na característica analisada, a falha indica que o animal alcançou o desempenho estipulado. Em análise de sobrevivência a forma da função, representada pelo  $\rho$ , afeta a variância genética e, portanto, a resposta à seleção (Yazdi et al., 2002). Se o valor obtido para esse parâmetro for muito maior que dois, é provável que a distribuição não seja propriamente Weibull. Os maiores valores de  $\rho$  observados nos conjuntos com menor variância estão de acordo com o esperado, já que, nos casos em que a variação é menor, a distribuição de DIAS é mais próxima de uma distribuição normal.

As correlações entre o valor genético real simulado para GMD e os valores genéticos preditos para cada característica, sob os diferentes métodos, permitem conhecer qual forma é a mais indicada quando o objetivo é avaliar precocidade de crescimento. A correlação de Spearman, por sua vez, fornece informação acerca das coincidências na ordem de classificação

dos animais para os diferentes critérios. As correlações de Pearson e de Spearman entre os valores genéticos reais para a característica gerada e os preditos pelos diferentes modelos utilizados neste estudo estão apresentadas na Tabela 4.

Tabela 4 - Médias das correlações de Pearson e de Spearman entre o valor genético real para GMD e o valor predito para GMD e DIAS, de acordo com modelo e método descritos no material e métodos, para as cinco replicações de cada conjunto de variâncias

Conjunto	PEARSON			SPEARMAN		
	GMD	DIAS_M	DIAS_S	GMD	DIAS_M	DIAS_S
I	0,81	-0,79	0,77	0,79	-0,78	0,76
II	0,78	-0,74	0,75	0,76	-0,75	0,74
III	0,80	-0,75	0,78	0,78	-0,76	0,76
IV	0,79	-0,68	0,76	0,77	-0,71	0,75

Das correlações entre os valores preditos para os três critérios e o valor genético real para GMD, as mais elevadas, como esperado, envolveram o GMD, em todos os conjuntos. Ao se comparar com DIAS\_M, as correlações foram maiores somente para os conjuntos em que há menor variação do GMD. Especificamente com DIAS\_M as correlações são negativas, uma vez o modelo linear fornece valores preditos na mesma unidade da característica. Desta forma, de maneira geral se espera que os

animais com valores preditos mais altos e positivos para *GMD* tenham valores altos e negativos para *DIAS\_M*.

Enquanto que sob os dois métodos empregados a herdabilidade de *DIAS* foi mais bem estimada para os conjuntos com maior variação, ou seja, foi mais próxima daquela utilizada na simulação, nestes mesmos conjuntos as correlações com valor genético real foram as melhores somente quando foi empregada análise de sobrevivência. Sob modelo linear, as maiores correlações foram nos conjuntos com menor variação. Entre as classificações, a tendência foi a mesma, o que significa que a indicação do método mais apropriado para obtenção dos valores genéticos depende da variação do *GMD*.

As correlações entre classificações obtidas por Oliveira (2003), Simonelli et al. (2001), Muniz (2001) e Ortiz Peña (1998) também foram altas, mas em todos os casos uma porção considerável dos animais classificados pelos dois critérios de seleção não foi coincidente. Nos estudos que envolveram essas características nas fases pré e pós-desmama, as correlações na fase inicial, que geralmente apresentam menor variação, foram as mais elevadas.

As relações entre os valores preditos para *DIAS*, pelos dois métodos, e *GMD*, avaliadas pelas correlações entre os valores genéticos e entre as classificações, estão apresentadas na Tabela 5.

Tabela 5 - Médias das correlações de Pearson e de Spearman entre o valor genético predito para GMD e o valor predito para DIAS, de acordo com modelo e método descritos no material e métodos, para as cinco replicações de cada conjunto de variâncias

Conjunto	PEARSON		SPEARMAN	
	DIAS_M	DIAS_S	DIAS_M	DIAS_S
I	-0,98	0,95	-0,99	0,95
II	-0,94	0,96	-0,98	0,96
III	-0,93	0,97	-0,97	0,97
IV	-0,86	0,97	-0,92	0,97

Mais uma vez percebe-se diferença nos resultados em função da variação no GMD. Quando a variação foi reduzida, a relação entre DIAS e GMD foi maior entre os valores preditos obtidos pelo mesmo método. Com o aumento da variação, as correlações sofreram alguma redução. Entre os valores de DIAS\_S, os coeficientes mudaram em proporção menor e no sentido inverso.

Conforme já havia sido constatado por Oliveira (2003), à medida que a variância da característica aumenta, ocorre diminuição na linearidade da relação entre a variável com distribuição normal e sua inversa. Neste estudo também se observa-se que, com o aumento da variância, ocorreu diminuição na relação entre os valores genéticos preditos para DIAS\_M e GMD. As correlações de Spearman seguiram a mesma tendência das de Pearson, indicando que para a análise dos conjuntos I e II, o modelo linear foi o que



forneceu resultados mais próximos aos de *GMD*, para o conjunto III os dois métodos foram similares e para o conjunto IV foi a análise de sobrevivência.

A despeito dos resultados dos métodos terem diferido em função da variação no *GMD*, foram obtidas as médias dos valores genéticos reais, para cada percentil, classificados em ordem decrescente segundo cada um dos critérios estudados e para cada conjunto. Dessa forma, com a representação gráfica destas médias em função da fração selecionada é possível visualizar e quantificar as diferenças esperadas no valor genético real em cada conjunto, decorrentes da seleção para cada um dos critérios, e a magnitude dessas diferenças segundo a variação no *GMD*.

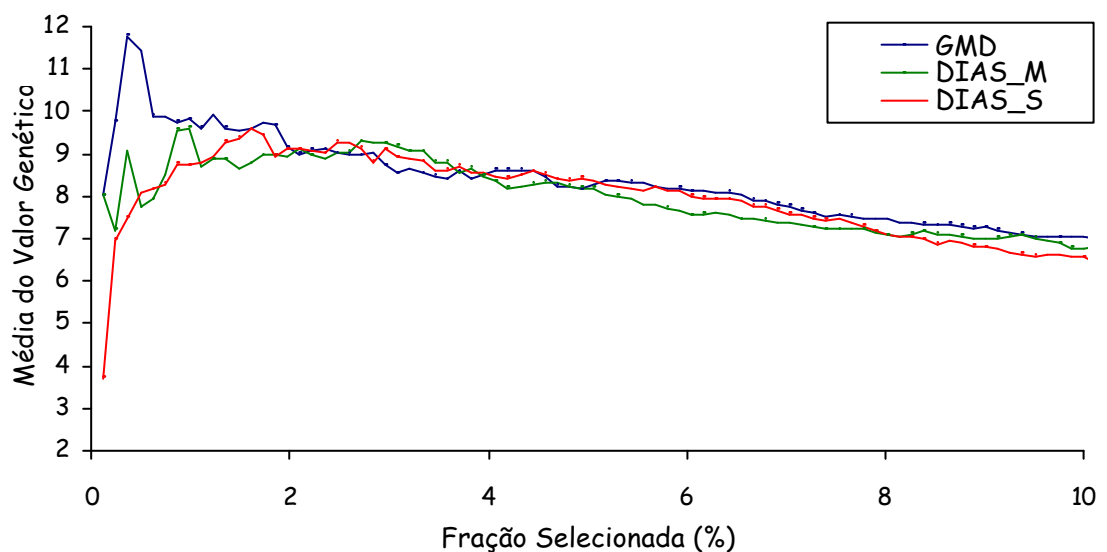


Figura 1 - Média dos valores genéticos reais de *GMD* dos indivíduos selecionados pelo valor genético predito por *GMD* e *DIAS*, de acordo com a porcentagem de animais selecionados no conjunto um

A partir da Figura 1 nota-se que, especialmente no primeiro percentil do conjunto I, há maior indefinição de qual critério selecionaria indivíduos com maiores valores preditos para GMD. A partir do quarto até o oitavo percentil, a tendência de menor média é a partir da seleção para DIAS\_M. Apesar da diferença não ser grande e ainda diminuir em função do aumento na proporção dos indivíduos selecionados, pode-se afirmar que, em geral, o GMD é o critério que resultaria nas maiores médias.

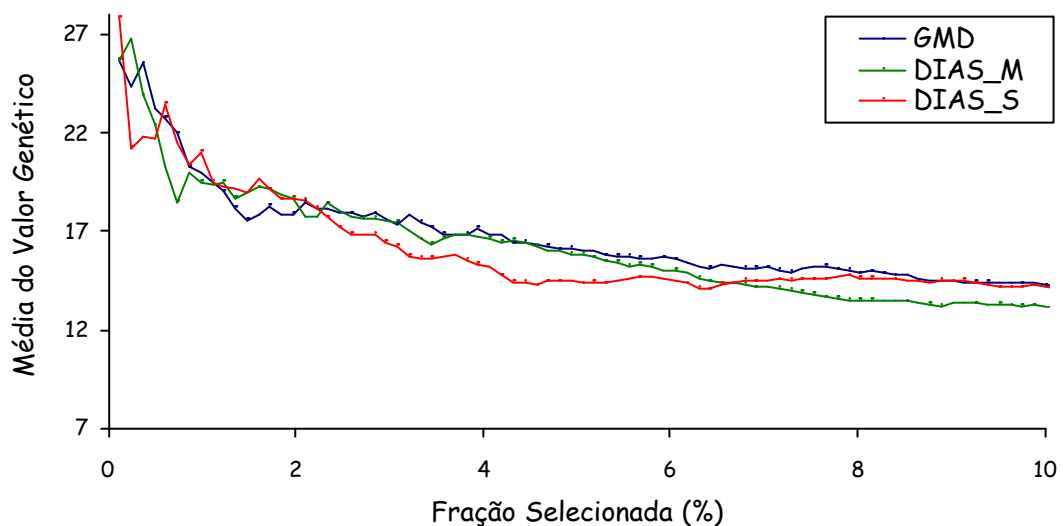


Figura 2 - Média dos valores genéticos reais de GMD dos indivíduos selecionados pelo valor genético predito por GMD e DIAS, de acordo com a porcentagem de animais selecionados no conjunto dois

No conjunto II (Figura 2), a diferença entre os critérios também é maior no primeiro percentil e mais discreta nos demais. Do segundo até o sexto percentil, os indivíduos selecionados por DIAS\_S são os de menores médias para o valor genético real, mas em seguida as menores médias são daqueles selecionados por DIAS\_M.

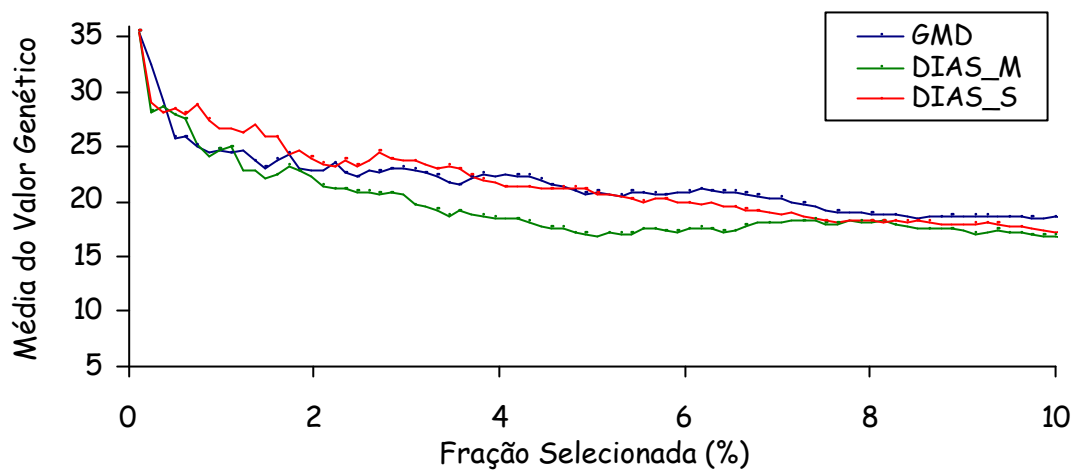


Figura 3 - Média dos valores genéticos reais de GMD dos indivíduos selecionados pelo valor genético predito por GMD e DIAS, de acordo com a porcentagem de animais selecionados no conjunto três

Para o conjunto III, representado na Figura 3, torna-se mais visível a diferença entre os critérios de seleção, principalmente a partir do segundo percentil. Para a maior parte das frações selecionadas, os indivíduos selecionados por DIAS\_M são os que apresentam menores médias de valor genético real. No primeiro, os indivíduos selecionados por DIAS\_S chegam a superar os selecionados por GMD. No entanto, a magnitude das correlações de Spearman apresentadas na Tabela 4, não permite conhecer a maior diferença entre DIAS\_M e os demais critérios, neste conjunto.

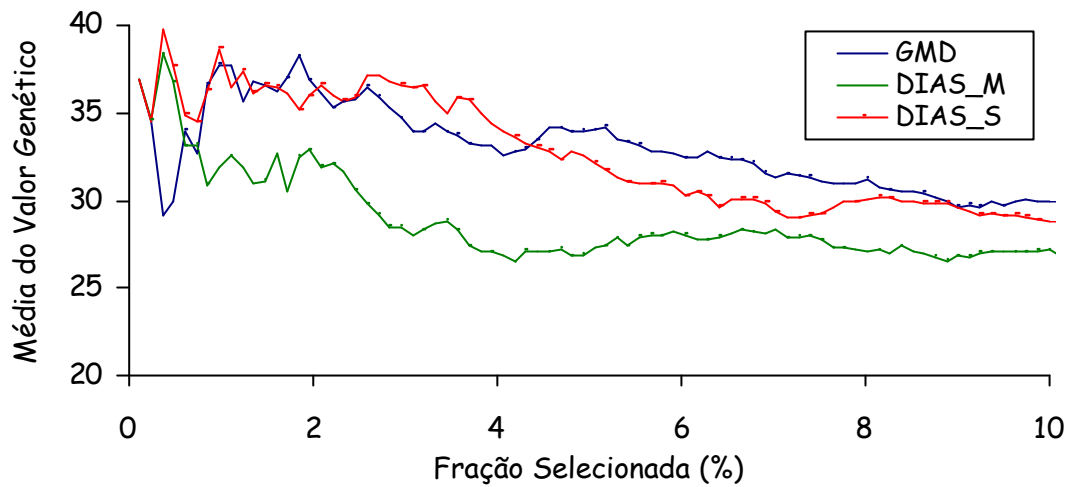


Figura 4 - Média dos valores genéticos reais de GMD dos indivíduos selecionados pelo valor genético predito por GMD e DIAS, de acordo com a porcentagem de animais selecionados no conjunto quatro

Pela análise da Figura 4 nota-se que, no conjunto IV, a média dos valores genéticos dos indivíduos selecionados por DIAS\_M diferiram ainda mais dos outros critérios, em praticamente todos os percentis. Essa figura retrata bem a diferença nas correlações de Spearman obtidas para todos os indivíduos (Tabela 4).

Após a análise dos resultados para os quatro conjuntos e considerando-se que eles diferem quanto à variação no GMD, constata-se que as maiores diferenças nos critérios são observadas naqueles conjuntos com os maiores coeficientes de variação. Cabe salientar que estes são os que melhor retratam situações verificadas em rebanhos comerciais e que, nestes casos, DIAS\_M fornece média de valores preditos inferiores aos demais. Outro aspecto relevante é que em poucos momentos a seleção para GMD deixou de ser a mais interessante. Dessa forma, estes resultados não

confirmam aqueles encontrados por Fries et al. (1996) que, baseando-se na magnitude das herdabilidades de DIAS e GMD medidos na pré-desmama, sugeriram a possibilidade de ganho genético 54% superior se DIAS fosse utilizado como critério de seleção.

O estudo de Oliveira (2003) fez uma abordagem bastante detalhada acerca das implicações que a seleção para DIAS poderia trazer para o GMD, ambos analisados sob modelos lineares. A heterogeneidade de variância em DIAS e a sua interferência na determinação do valor genético dos animais, a partir de métodos que não a considerem, foi uma das principais constatações do autor. Outro aspecto foi a não adequação do modelo linear para a análise de DIAS, o que pode causar redução do progresso genético para crescimento, diretamente proporcional ao coeficiente de variação do GMD. A hipótese de que, quando analisada com metodologia apropriada, DIAS apresentaria resultados mais aproximados daqueles obtidos para GMD também foi confirmada. Diante dos resultados de Oliveira (2003) e dos obtidos no presente estudo pode-se inferir que alguns dos problemas de predição do valor genético de DIAS foram superados com a utilização da análise de sobrevivência. Ainda assim, esse critério não se mostrou mais vantajoso em relação a GMD, mas a comparação entre eles pôde ser feita a partir de parâmetros mais acurados.

Quanto aos resultados, estes poderão ser ainda mais conclusivos se obtidos a partir de rebanhos, simulados ou reais, com estrutura adequada que propicie diferenças mais nítidas entre os métodos. Há, no entanto, a necessidade de se estudar também essas características na fase pré-desmama, o que exigirá o emprego de modelos mais complexos e estrutura de dados adequada, para confirmar os resultados aqui obtidos.

## Conclusões

A análise de sobrevivência foi o método mais apropriado para descrever dias para se alcançar determinado peso, para os conjuntos de maior variação do *GMD*. Quando analisada por esse método, os resultados para a característica DIAS tendem a se aproximar daqueles obtidos para *GMD*.

A comparação entre os critérios demonstrou que a predição do valor genético a partir de DIAS empregando-se modelo linear é menos acurada do que quando se utiliza análise de sobrevivência e *GMD*. Por isso sua utilização não é recomendada na avaliação genética da característica dias para se alcançar um peso.

## Literatura Citada

- ALBUQUERQUE, L.G.; FRIES, L.A. Conseqüências genéticas de selecionar pelo numerador ou contra o denominador do GMD. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE RAÇAS ZEBUÍNAS, 2., 1996, Uberaba, **Anais...** Uberaba: ABCZ, 1996.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D.; KACHMAN, S.D. **A manual for use for MTDFREML**. A set of programs to obtain estimates of variance and covariances [DRAFT]. Lincoln, Department of Agriculture / Agricultural Research Service, 1995. 115p.
- DUCROCQ, V.; CASELLA, G. A Bayesian analysis of mixed survival models. **Genetic, Selection, Evolution**, v. 28, n. 505-529, 1996.
- DUCROCQ, V.; QUAAS, R.L.; POLLAK, E.J.; CASELLA, G. Length of productive life of dairy cows . I. Justification of a Weibull model. **Journal of Dairy Science**, v. 71, n. 11, p. 3061-3070, 1988.
- DUCROCQ, V.; SÖLKNER, J. "The Survival Kit", a Fortran package for the analysis of survival data. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 5., 1994, Guelph. **Proceedings...** Canadá: 5WCGALP, 1994. v.22, p. 51-52.
- DUCROCQ, V.; SÖLKNER, J. **The Survival Kit V3.12 User's Manual**. <<<http://www.boku.ac.at/nuwi/popgen>>> 2000.
- DÜRR, J.W.; MONARDES, H.G.; CUE, R.I. Genetic analysis of herd life in Quebec Holsteins using Weibull models. **Journal of Dairy Science**, v. 82, n. 11, p. 2503-2513, 1999.
- FRIES, L.A. Precocidade, precocidade e precocidade. In: SEMINÁRIO NACIONAL. Revisão de critérios de julgamento e seleção em gado de corte, 1996, **Anais...** Uberaba: ABCZ, 1996.

FRIES, L.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Prenhez aos catorze meses: presente e futuro. Elementos do componente genético. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 36., Porto Alegre, 1999. **Anais...** Viçosa: SBZ, p. 227-238.

FRIES, L.A.; BRITO, F.V.; ALBUQUERQUE, L.G. Possíveis conseqüências de seleção para incrementar pesos às idades-padrão vs reduzir idades para produzir unidades de mercado. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33., Fortaleza, 1996. **Anais...** Viçosa: SBZ, p. 310-312.

KALBFLEISCH e PRENTICE (1980) apud WALLIN, L.; STRANDBERG, E.; PHILIPSSON, J.; DALIN, G., 2000, p. 278.

MUNIZ, C.A.S.D. **Estudo de dois critérios de seleção na pré-desmama de bovinos da raça Gir.** 2001. 130 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal, Universidade Estadual Paulista, São Paulo.

NEERHOF, H.J.; MADSEN, P.; DUCROCQ, V.P.; VOLLEMA, A.R.; JENSEN, J.; KORSGAARD, I.R. Relationship between mastitis and functional longevity in Danish Black and White dairy cattle estimated using survival analysis. **Journal of Dairy Science**, v. 83, p. 1064-1071, 2000.

OLIVEIRA, H.N. **Comparação de critérios de seleção em gado de corte.** 2003. 150 f. Tese (Livre Docência) - Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, São Paulo.

ORTIZ PEÑA., C.D. **Análise de critérios de seleção para precocidade sexual e de crescimento de bovinos da raça Nelore, no Paraguai.** 1998. 143 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal, Universidade Estadual Paulista, São Paulo.

SAS Institute In. **SAS User's guide: basics.** Vers. 6.11. Cary, SAS Institute, 1990.



SIMONELLI, S.M.; SILVA, M.A.; SILVA, L.O.C.; FONTES, C.A.; TORRES, R.A.; MARTINS, E.N.; SAKAGUTI, E.S. Critérios de seleção para características de crescimento no período pré-desmame em bovinos da raça Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., Piracicaba, 2001. **Anais...** Viçosa: SBZ, p. 675-677.

VALLE GARNERO, A. V. **Comparação de critérios de seleção em gado de corte visando precocidade de crescimento.** 1999. 87 f. Dissertação (Mestrado em Ciências) - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, São Paulo.

VOLLEMA, A.R.; GROEN, A.F. A comparison of breeding value predictors for longevity using a linear model and survival analysis. **Journal of Dairy Science**, v. 81, p. 3315-3320, 1998.

YAZDI, M.H.; VISSCHER, P.M.; DUCROCQ, V.; THOMPSON, R. Heritability, reliability of genetic evaluations and response to selection in proportional hazard models. **Journal of Dairy Science**, v. 85, p.1563-1577, 2002.

WALLIN, L.; STRANDBERG, E.; PHILIPSSON, J.; DALIN, G. Estimates of longevity and causes of culling and death in Swedish warmblood and coldblood horses. **Livestock Production Science**, v. 63, p. 275-289, 2000.

## **CAPÍTULO 3**

**COMPARAÇÃO DOS CRITÉRIOS DE SELEÇÃO GANHO MÉDIO DIÁRIO E  
DIAS PARA GANHAR 140 KG NA FASE PÓS-DESMAMA DE BOVINOS DA  
RAÇA NELORE**

## **Comparação dos Critérios de Seleção Ganho Médio Diário e Dias para Ganhar 140 Kg na Fase Pós-Desmama de Bovinos da Raça Nelore**

### **RESUMO**

Os objetivos deste trabalho foram obter componentes de variância e parâmetros genéticos para o número de dias para o animal ganhar 140 kg após a desmama (D140) e GMD na fase pós-desmama (GMDPD), utilizando-se modelos mistos de sobrevivência e modelos lineares mistos e, avaliar o impacto e as respostas esperadas no GMDPD, decorrentes da seleção para cada um dos critérios estudados. Os dados de 20981 animais foram obtidos junto ao Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore. Para GMD e D140 analisados com modelo linear (D140\_M) e para D140 em análise de sobrevivência (D140\_S), foram incluídos os efeitos de grupo de contemporâneos e o genético direto. As herdabilidades estimadas para GMDPD, DIAS\_M e DIAS\_S foram 0,21; 0,22 e 0,15, respectivamente. As correlações entre os valores genéticos preditos foram altas para todas as comparações realizadas, sendo maiores entre GMDPD e D140\_S. A seleção para DIAS\_M resultou nas menores médias de valores genéticos de GMDPD. A análise de sobrevivência forneceu correlações entre os valores genéticos preditos de D140 maiores com GMDPD do que o modelo linear. Houve maior concordância de animais selecionados entre os critérios GMDPD e D140\_S. D140\_S permite alcançar progresso da mesma ordem no GMDPD que a seleção para valor genético predito para GMDPD. Nenhuma evidência foi encontrada neste trabalho que justifique a transformação de GMD para DIAS, pois o modelo de sobrevivência apenas aproximou mais os resultados da análise de DIAS com os de GMD.

**Palavras-Chave:** análise de sobrevivência, bovinos de corte, crescimento, seleção.

## Comparison of Selection Criteria Average Daily Gain and Days to Gain 140 kg Postweaning of Nelore Cattle

### ABSTRACT

The objectives of this study were to obtain variance components and genetic parameters for number of days for the animal to gain 140 kg postweaning (D140) and postweaning average daily gain (GMDPD), using mixed models of survival and mixed linear models and, then, to evaluate the impact and the expected responses in GMDPD from the selection for each one of the studied criteria. Data of 20,981 animals were obtained from the Program for Genetic Improvement of Nelore Cattle. For GMD and D140 analyzed by linear model (D140\_M) and for D140 by survival analysis (D140\_S), the effects of the contemporary group and the direct genetic ones were included. Heritabilities of GMDPD, DIAS\_M and DIAS\_S were 0.21, 0.22 and 0.15, respectively. Correlations among predicted genetic values were high for all comparisons, but were higher between GMDPD and D140\_S. The results from selection for DIAS\_M showed the lowest average genetic values of GMDPD. Survival analysis provided higher correlations between predicted genetic values of D140 and GMDPD than the linear model. There was larger agreement of animals selected between the criteria GMDPD and D140\_S. D140\_S allowed to reach progress of the same order in GMDPD than the selection for genetic value predicted for GMDPD. No evidence was found in this study that justifies the transformation from GMD to DIAS, because the survival model just approximated more the results from the analysis of DIAS with the ones of GMD.

**Key words:** survival analysis, beef cattle, growth, selection.

## Introdução

A importância do aumento da precocidade de crescimento de bovinos de corte é reconhecida por todos os segmentos envolvidos na cadeia produtiva da carne. Têm sido empreendidos esforços na identificação de características indicadoras desta precocidade e que, preferencialmente, não acarretem aumento no peso adulto, nas exigências e, conseqüentemente, nos custos de manutenção, como tem sido atribuído à seleção para peso vivo e para ganhos em peso mais elevados.

Com o intuito de promover mudança no direcionamento dos trabalhos de seleção dos criadores, Fries (1996) propôs a seleção com base em dias para ganhar 160 quilogramas no período pré-desmama (D160), em dias para ganhar 140 quilogramas da desmama aos 550 dias de idade (D140) e em dias para ganhar 240 quilogramas da desmama ao abate (D240). Procedendo desta forma, seria possível reduzir o tempo de recria e engorda, respectivamente, e aumentar o número de unidades de produto no menor período possível, em vez de perseguir o maior indefinidamente. Para a obtenção desta característica deve-se calcular a razão entre uma constante, 160, 140 ou 240, e o ganho médio diário no período pré ou pós-desmama, respectivamente. No entanto, Oliveira (2003) ressaltou que a transformação de uma variável aleatória, com distribuição normal, em sua inversa, gera uma variável com distribuição desconhecida e heterogeneidade de variância, de modo que as conseqüências da seleção para uma característica como esta precisam ser estudadas.

Outros aspectos relevantes que devem ser considerados num estudo com as características DIAS são que: (i) a distribuição normal geralmente

não é adequada para descrever a função de densidade e probabilidade de dados de tempo para ocorrência de um determinado evento; e (ii) a metodologia até então utilizada para análises dessas características baseia-se nesta pressuposição. Estes dados claramente obedecem a uma distribuição não-normal, pois se faz necessário definir "arbitrariamente" um limite no qual a medida será observada. Além disso, a distribuição normal pode variar de menos infinito até mais infinito, mas tempo logicamente não pode ser negativo (Dürr et al., 1999; Wallin et al., 2000). Smith e Allaire (1986) acrescentam ainda que tais características normalmente possuem variação relativamente próxima à origem, tornando a distribuição com assimetria à direita, com esta porção da cauda maior que na distribuição normal.

O emprego de uma metodologia de análise apropriada, que considere a assimetria da distribuição, além de possível também é recomendável. O método estatístico adequado para analisar observações censuradas é a análise de sobrevivência, que permite a inclusão dessas informações, tornando-a assim uma classe de modelos mais atraente para este fim (Kalbfleisch e Prentice, 1980 apud Wallin et al., 2000).

Os objetivos deste trabalho foram: (i) obter componentes de variância e parâmetros genéticos para D140 e GMD na fase pós-desmama (GMDPD) utilizando-se modelos mistos de sobrevivência e modelos lineares mistos; e (ii) avaliar o impacto e as respostas esperadas que a seleção para cada um dos critérios estudados poderá ter no GMDPD.

## Material e Métodos

### Dados

Os dados foram obtidos junto ao Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore e limitados a 34 rebanhos, cujos animais nasceram entre 1974 e 2000. Foram analisados os ganhos médios diários da desmama ao sobreano (GMDPD) e o número de dias para o animal ganhar 140 kg após a desmama (D140). O GMD pode ser obtido pela razão da diferença entre o peso posterior e o anterior, e o número de dias entre as duas pesagens, conforme as seguintes fórmulas:

$$GMDPD = \frac{P550 - P205}{345}$$

em que:

P205 = peso ajustado para 205 dias de idade;

P550 = peso ajustado para 550 dias de idade.

A padronização dos pesos aos 205 e 550 dias de idade é feita empregando-se a fórmula descrita a seguir (Lôbo, 1996):

$$PPD = \frac{(PP - PA)}{(IP - IA)} (IPD - IA) + PA$$

em que:

PP = peso posterior à idade de padronização (205 ou 550 dias);

PA = peso anterior à idade de padronização;

PPD = peso padronizado (205 ou 550 dias);

IP = idade na pesagem posterior à idade em que se quer padronizar;

IA = idade na pesagem anterior à idade em que se quer padronizar;



IPD = idade à qual se quer padronizar.

O número de dias para o animal ganhar 140 kg imediatamente após a desmama foi calculado segundo proposição de Fries (1996), como:

$$D140 = \frac{140}{GMDPD}$$

em que:

D140 = dias para ganhar 140 kg imediatamente após a desmama;

GMDPD = ganho médio diário na fase pós-desmama.

Os animais foram agrupados segundo fazenda, sexo, manejo, ano e trimestre de nascimento. Estes procedimentos deram origem aos grupos de contemporâneos (GC), que constituíram o efeito fixo incluído nos modelos de análise. Os animais que não possuíam quaisquer das informações necessárias para a composição dos GCs foram excluídos das análises.

As estruturas dos arquivos de pedigree e de dados estão descritas na Tabela 1. Considerando que a demanda de memória RAM por parte do Survival Kit (Ducrocq e Sölkner, 1998) é bem superior à do aplicativo MTDFREML (Boldman et al., 1995), para as análises de sobrevivência foi necessário reduzir o número de animais no arquivo de pedigree, tornando o volume de animais (que teriam seu valor genético predito) compatível com a capacidade computacional. Dessa forma, para permitir a comparação dos resultados de GMDPD e D140, em todas as análises foram utilizadas as relações de parentesco até a terceira geração ascendente dos animais em estudo, considerando-se como desconhecidos todos os demais.

Todo animal com GMDPD inferior a 100 gramas/dia foi considerado como uma observação discrepante e eliminado das análises. A necessidade desse procedimento se deu em função da característica D140 não representar a medida exata do tempo que o animal demora em alcançar o desempenho, mas sim uma transformação do GMDPD. Assim, todo animal que possui GMDPD conhecido também terá D140, mas essa relação não seria rigorosa se D140 fosse obtido pela interpolação de pesagens periódicas em idades conhecidas, o que forneceria o D140 mais próximo do real. Para análise com o modelo de sobrevivência todo animal que possuía D140 superior a 1400 dias, com GMDPD igual ou menor a 100 gramas/dia, teve seu registro censurado com a censura ocorrendo aos 1400 dias. Para fins de comparação dos valores genéticos preditos pelos diferentes modelos, os dados dos animais que tiveram seus registros censurados (oito observações) não foram considerados.

Tabela 1 - Estrutura dos arquivos utilizados nas análises

Nº Observações	20981
Nº Animais no pedigree	37900
Nº Rebanhos	34
Nº Touros	971
Nº Vacas	12795
Nº Grupos de contemporâneos	907
Média (desvio- padrão) GMDPD	0,423 (27,0)
Média (desvio- padrão) D140	257,1(83,8)

## Modelo Linear

Para fins de comparação, tanto GMDPD como D140 foram submetidos a análises com modelo linear. Para as duas características, foram atribuídos como causas de variação o efeito aleatório genético direto e o efeito fixo de grupo de contemporâneos, conforme representação a seguir:

$$y = X\beta + Za + e$$

em que:

$y$  = vetor das observações;

$X$  = matriz de incidência dos efeitos fixos;

$\beta$  = vetor dos efeitos fixos;

$Z$  = matriz de incidência dos efeitos genéticos diretos;

$a$  = vetor dos efeitos genéticos diretos;

$e$  = vetor dos erros aleatórios associados às observações.

Os componentes de (co)variância foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita, sob modelo animal, utilizando-se o aplicativo MTDFREML (Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood), desenvolvido por Boldman et al. (1995). Assumiu-se que os efeitos genéticos aditivos e residuais não eram correlacionados entre si. Considerou-se que a convergência foi atingida quando a variância dos valores da função de verossimilhança foi menor que  $10^{-9}$ , e para assegurar que este

valor alcançado foi o máximo global, as análises foram refeitas utilizando-se como valores iniciais, aqueles obtidos na análise prévia.

### **Análise de Sobrevivência**

A característica D140 foi submetida à análise de sobrevivência que, segundo Ducrocq (1994), é o método mais apropriado para a análise de características expressas em tempo e em que ocorre censura de dados. O modelo Weibull, um tipo de modelo de riscos proporcionais adequado para a análise de dados de sobrevivência (Ducrocq et al., 1988), foi usado, e as análises foram feitas por meio do aplicativo "Survival Kit" (Ducrocq e Sölkner, 2000).

Numa análise prévia, foram estimados o parâmetro  $r$  (rho) que define a forma da distribuição Weibull, e a variância de touro, empregando-se modelo de touro. Por sugestão de Ducrocq (2002)<sup>1</sup>, para cada animal a característica DIAS analisada foi um desvio em relação ao menor tempo de sobrevivência observado no grupo de contemporâneos correspondente. Este procedimento foi necessário em virtude da dificuldade para obtenção do parâmetro  $r$ . Segundo o autor, uma razão freqüente pela qual os dados não obedecem à distribuição Weibull é que não existem falhas no ponto de origem, ou seja, no caso específico deste estudo, no tempo zero nenhum animal possui registro não-censurado de D140. Para contornar esse problema, o menor tempo dentro de cada grupo de contemporâneos foi considerado o tempo zero e usado como origem.

Em seguida o parâmetro  $r$  estimado foi fixado, assim como o componente de variância genética, obtido pela multiplicação da variância de touro por

quatro. A análise foi refeita, mas desta vez sob um modelo animal, para a obtenção dos valores genéticos preditos. O critério de convergência utilizado foi de  $1 \times 10^{-8}$  e foi alcançada nas duas análises. O modelo animal, utilizado na análise para a obtenção dos valores genéticos preditos, pode ser representado como:

$$h(t, w(t)) = \lambda \rho (\lambda t)^{\rho-1} \exp \{w(t)' \theta\}$$

em que:

$h(t, w(t))$  = função de risco de um indivíduo, dependente do tempo  $t$  (dias decorridos até ganhar 140 quilos na pós-desmama);

$\lambda \rho (\lambda t)^{\rho-1}$  = função básica de risco (relacionada com a idade), com distribuição Weibull;

$\lambda$  e  $\rho$  = parâmetros locação e forma da função básica de risco Weibull;

$\theta' = \{b' u'\}$  = vetor de covariáveis fixas ( $b$ ) e aleatórias ( $u$ ) com uma matriz de incidência  $w(t)$ ;

$w(t)$  = matriz de incidência  $\{x(t)' z(t)'\}$  tempo independente.

---

<sup>1</sup>DUCROCQ, V. Survival Kit [mensagem pessoal]. Mensagem recebida por <epereira@lancernet.com.br> 9 out. 2002.

A parte exponencial do modelo acima pode ser representada como:

$$\{w(t)' \theta\} = gc_i + a_j + e_{ij}$$

em que:

$gc_i$  = efeito fixo de grupo de contemporâneos;

$a_j$  = efeito genético direto, com distribuição normal multivariada;

$e_{ij}$  = efeito residual, com distribuição normal.

### **Comparações entre os Critérios de Seleção**

Visando avaliar o impacto dos critérios de seleção, os animais foram classificados segundo seus valores genéticos preditos para efeito direto, para GMDPD e D140 obtidos por modelos lineares e D140, obtidos a partir da análise de sobrevivência. As correlações de Spearman (SAS, 1990) entre as classificações foram obtidas, e as mudanças foram observadas quanto ao posicionamento dos animais dentro de classes (decis) que agrupavam 10% dos indivíduos analisados, em ordem decrescente de classificação. Além disso, foram obtidas as correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos a partir dos diferentes métodos.

### **Resultados e Discussão**

As distribuições dos valores observados das características GMDPD, de D140 e dos desvios de D140 em relação ao menor valor do grupo de contemporâneos estão representadas nas Figuras 1, 2 e 3, respectivamente.

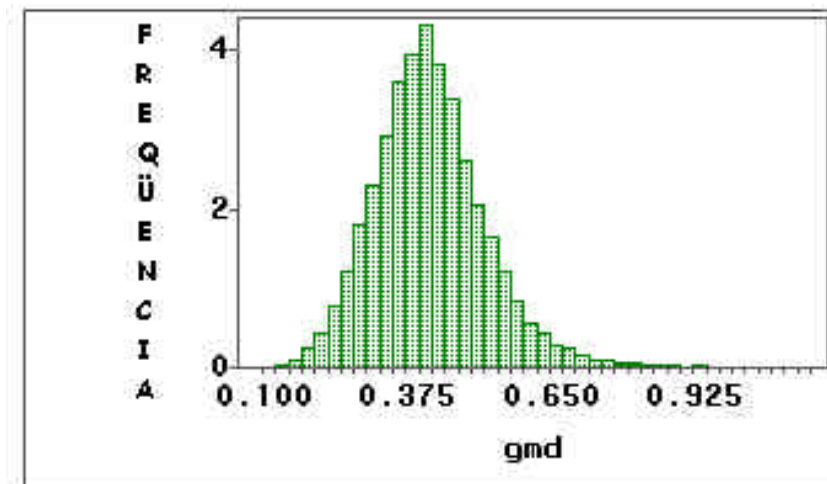


Figura 1 - Distribuição de frequência do GMDPD

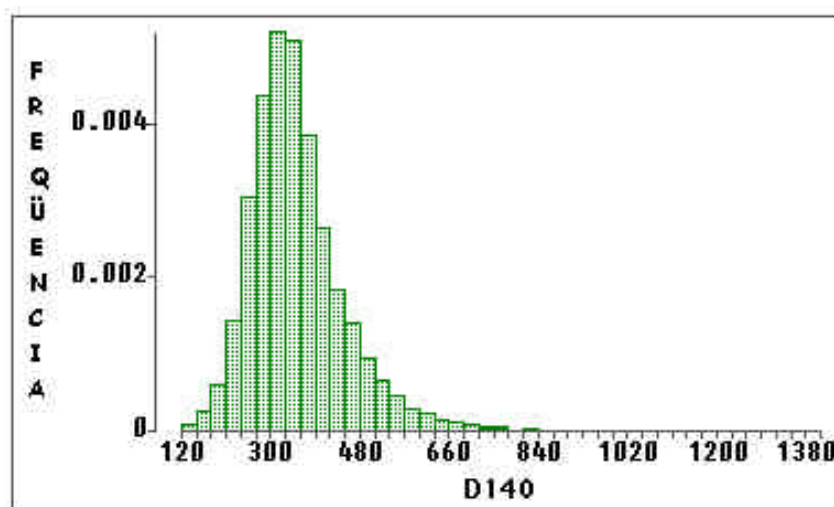


Figura 2 - Distribuição de frequência de D140

Pela Figura 2 pode-se notar a assimetria da distribuição de D140, com a porção esquerda da cauda mais reduzida do que seria na distribuição normal. Esta assimetria é ainda mais forte quando se obtém os desvios de D140, entre cada registro em relação ao menor valor de D140 do grupo de contemporâneos. Cabe lembrar que a característica original apresenta distribuição próxima da normal e sua simples transformação gerou a

assimetria observada em D140. Oliveira (2003) ressalta que, apesar dos métodos de análises comumente utilizados serem robustos o suficiente para obtenção de componentes de (co)variâncias de características com distribuição diferente da normal, espera-se que observações discrepantes influenciem a predição dos valores genéticos.

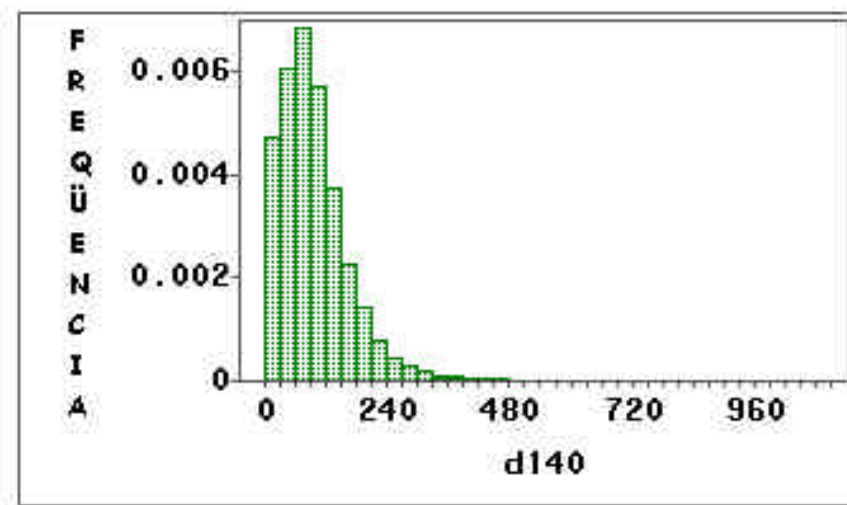


Figura 3 - Distribuição de frequência de desvios de D140 em relação ao menor valor dentro do grupo de contemporâneos

As distribuições dos desvios em relação à média dos grupos de contemporâneos de GMDPD e D140, em relação à média dos grupos para as características, encontram-se representadas nas Figuras 4 e 5, respectivamente. Mais uma vez a assimetria de D140 pode ser notada, evidenciando a heterogeneidade de variância da característica, que por sua vez não é observada para GMDPD (Figura 4). Além da assimetria, Oliveira (2003) também constatou que as observações discrepantes (valores baixos de GMDPD) têm marcada influência na variação da característica.



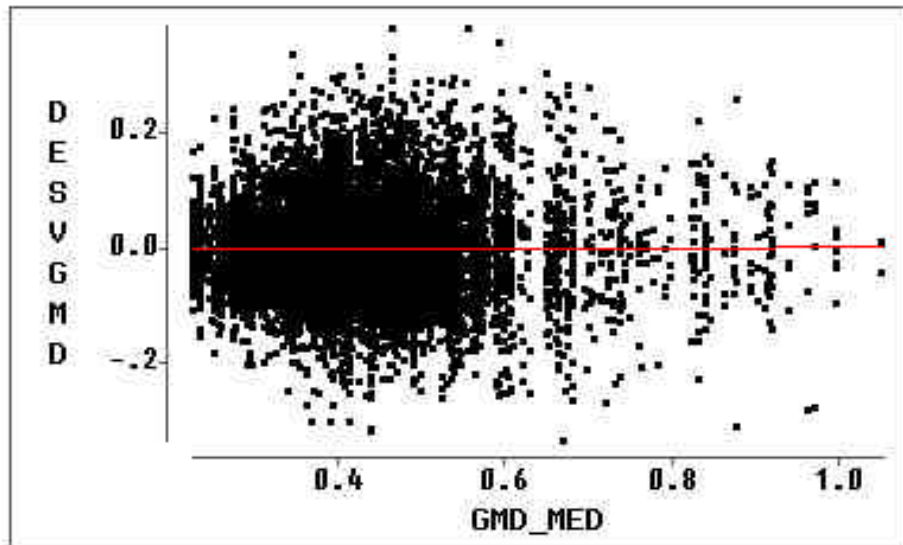


Figura 4 - Distribuições dos desvios em relação à média dos grupos de contemporâneos de GMDPD (DESVGMD) em relação à média dos grupos (GMD\_MED)

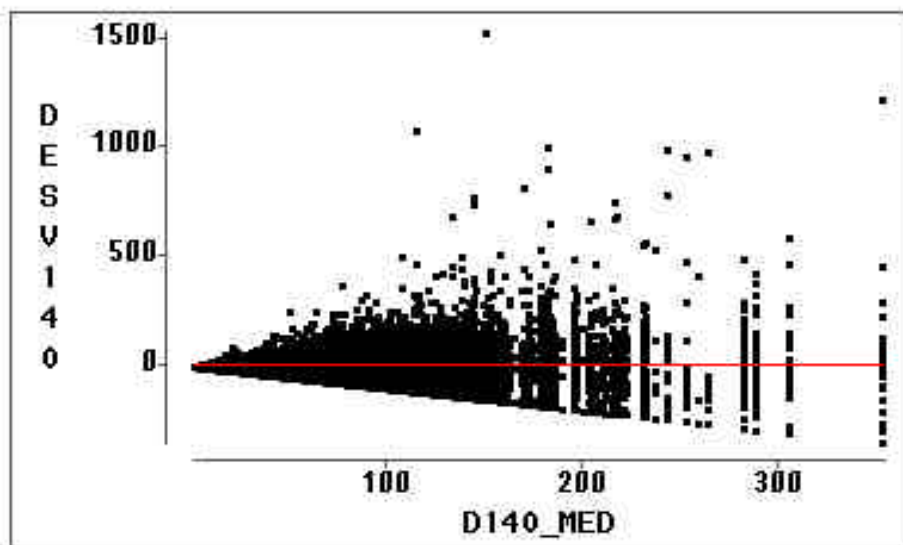


Figura 5 - Distribuições dos desvios em relação à média dos grupos de contemporâneos de GMDPD (DESV140) em relação à média dos grupos (D140\_MED)

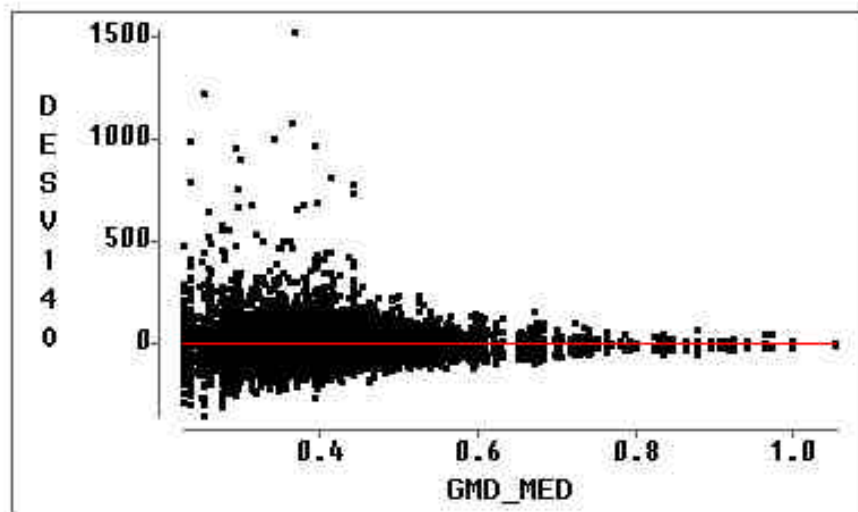


Figura 6 - Distribuições dos desvios em relação à média dos grupos de contemporâneos de GMDPD (DESV140) em relação à média de GMDPD dos grupos (GMD\_MED)

Ao observar a Figura 6 é possível notar a dependência da variação de D140, em relação à média de GMD do grupo de contemporâneos. Quanto maior a média da característica original, menor a variação de sua inversa. Esta dependência exerce influência na avaliação genética e classificação dos animais, conforme já foi constatado no estudo de Oliveira (2003).

As distribuições dos valores genéticos diretos preditos para GMDPD, D140\_M e D140\_S encontram-se representadas nas Figuras 7, 8 e 9, respectivamente.

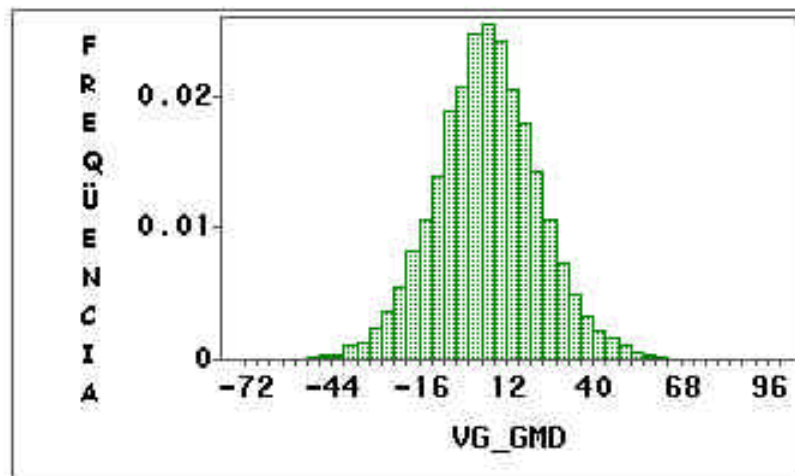


Figura 7 - Distribuição de freqüência do valor genético predito para GMDPD

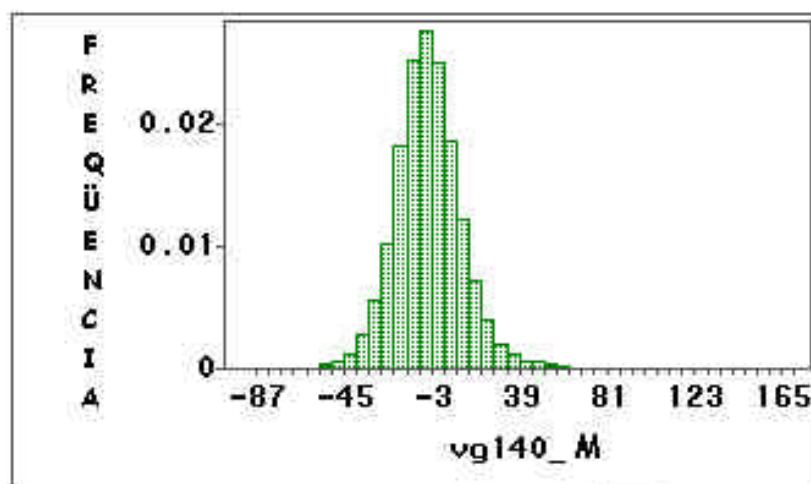


Figura 8 - Distribuição de freqüência do valor genético predito para D140 (VG140\_M) obtido por modelo linear misto (D140\_M)

Os valores genéticos preditos para D140 fornecidos pelo programa "Survival Kit", mostrados na Figura 9, não devem ser diretamente comparados aos fornecidos pelo MTDFREML (Figura 8), pois são dados em unidades diferentes. Para D140 analisado sob modelo linear (D140\_M), os valores preditos representam a diferença, em dias, em relação à média dos

indivíduos do mesmo grupo de contemporâneos, e o sinal negativo representa redução do tempo para atingir 140 quilogramas na pós-desmama. Sendo assim, os indivíduos que seriam selecionados são aqueles que apresentam valores absolutos mais elevados e de sinal negativo, representados na porção esquerda da distribuição. Por outro lado, o valor predito para D140 sob análise de sobrevivência (D140\_S) é o logaritmo da função de risco do animal, que, no caso de D140 representa, para uma idade determinada, a chance proporcional do animal atingir os 140 quilogramas em relação ao animal médio. Os animais selecionados devem possuir valores genéticos altos e positivos, refletindo maior potencial instantâneo para atingir o desempenho preconizado.

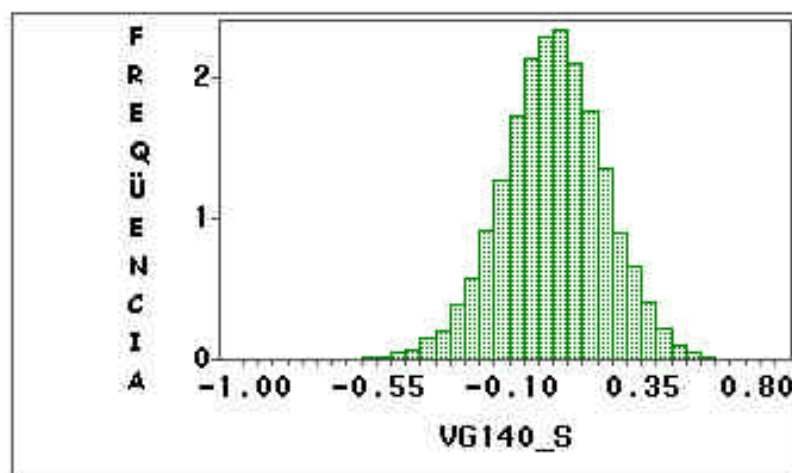


Figura 9 - Distribuição de frequência do valor genético predito para D140 (VG140\_S) obtido por modelo misto de sobrevivência (D140\_S)

As herdabilidades estimadas para as características estudadas sob os diferentes métodos estão relacionadas na Tabela 2.

Tabela 2 - Herdabilidades estimadas para D140 e GMDPD, a partir de diferentes métodos

Característica	Método	Herdabilidade
GMDPD	Modelo linear	0,21
D140_M	Modelo linear	0,22
D140_S	Análise de sobrevivência	0,15

D140\_M: análise incluindo apenas D140 não-censurados, sob modelo linear; D140\_S: análise incluindo registros de D140 censurados e não-censurados, sob análise de sobrevivência.

Ortiz Peña (1998) encontrou herdabilidade igual a 0,18, tanto para D140 como para D240, e 0,24 para GMD, todos medidos na mesma fase. Oliveira (2003) obteve 0,23 para D240 e 0,26 para GMDPD. No presente estudo, a herdabilidade de GMDPD foi pouco inferior àquela de D140, contrariando a tendência observada em outros estudos que comparam as mesmas características.

A herdabilidade estimada para GMDPD reflete a moderada variabilidade genética da característica para os rebanhos estudados. Para a característica D140, o valor fornecido pela análise de sobrevivência foi inferior ao resultante da análise com modelo linear. Além do método empregado, há diferença também no conjunto de dados analisado, que apesar de pequena pode ter influenciado por incluir registros incompletos. Se for correta a afirmação de Dürr et al. (1999) de que o melhor modelo usado para estimar parâmetros genéticos deveria fornecer maiores estimativas de herdabilidade, pode ser que a estrutura dos dados e do pedigree não tenha possibilitado estimar adequadamente a variância genética sob este método, ou que esta realmente seja menor que para

GMDPD e que o modelo linear a tenha superestimado. Todavia, as estimativas de herdabilidade em modelos não lineares não podem ser comparadas diretamente com aquelas obtidas por meio de modelos lineares para as mesmas características. A variação medida neste último caso é em unidades da característica enquanto que no caso do modelo de sobrevivência é na proporção de risco, o que pode levar a respostas à seleção bem diferentes em relação ao primeiro caso.

As correlações de Spearman e de Pearson, entre os valores genéticos obtidos por diferentes métodos, estão relacionadas na Tabela 3.

Tabela 3 - Correlações de Spearman (abaixo da diagonal) e de Pearson (acima da diagonal) entre valores genéticos preditos de todos os animais do pedigree, para D140 e GMDPD, a partir de diferentes métodos

	D140_S	D140_M	GMDPD
D140_S	--	-0,89	0,91
D140_M	-0,93	--	-0,88
GMDPD	0,92	-0,93	--

D140\_M: análise incluindo apenas D140 não-censurados, sob modelo linear; D140\_S: análise incluindo registros de D140 censurados e não-censurados, sob análise de sobrevivência.

As correlações entre valores genéticos preditos foram altas para todas as comparações realizadas, mas são maiores entre GMDPD e D140, quando para esta última é empregada análise de sobrevivência. Isto indica que, quando se utiliza uma metodologia mais adequada para predição dos valores genéticos para D140, as diferenças entre estes e os valores

genéticos de *GMDPD* são minimizadas. Apesar de alta, a correlação entre *GMDPD* e todos os *D140* analisados foi menor que a unidade, o que significa que a magnitude do valor genético predito difere segundo o método empregado e natureza das informações. Os resultados mais discrepantes são observados quando se compara *GMDPD* com *D140*, ambos analisados sob modelos lineares.

Quanto às correlações entre classificações dos animais pelo valor genético predito, os resultados obtidos são muito próximos, e as mudanças na classificação dos animais nas três situações, devem ocorrer na mesma proporção. Obviamente, as mudanças que ocorrem entre os dois tipos de análises de *D140* são diferentes e podem atingir diferentemente animais em diferentes posições. Quando se compara *D140\_S* com *GMDPD*, a alteração nas classificações deve se dar da mesma forma que para *D140* analisado sob modelo linear, a despeito da correlação de Pearson ter sido um pouco mais alta.

Na Figura 10 estão representadas as relações entre os valores genéticos preditos para todos os animais com registro, para *D140\_M* e *GMDPD*. Na Figura 11 tem-se a relação entre *D140\_S* e *GMDPD* e na Figura 12 entre *D140* analisada sob os dois métodos.

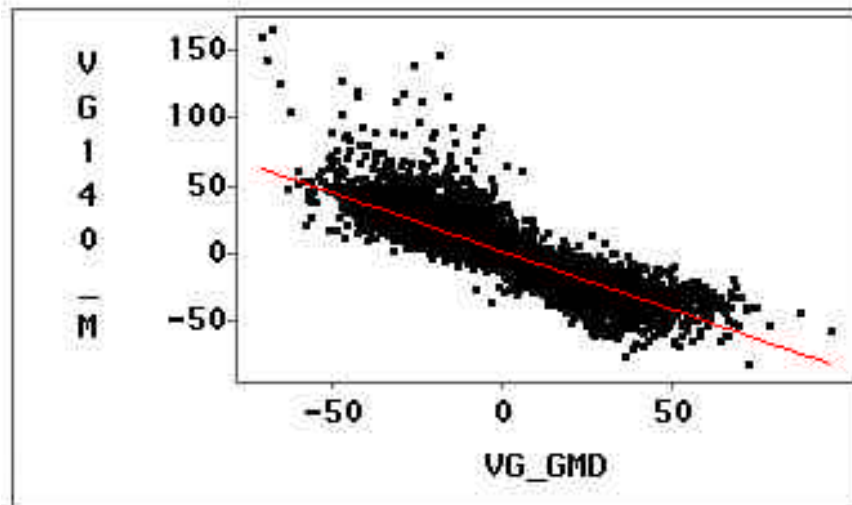


Figura 10 - Distribuição dos valores genéticos preditos para D140 (VG140\_M) em relação a GMDPD (VG\_GMD), ambos sob modelo linear

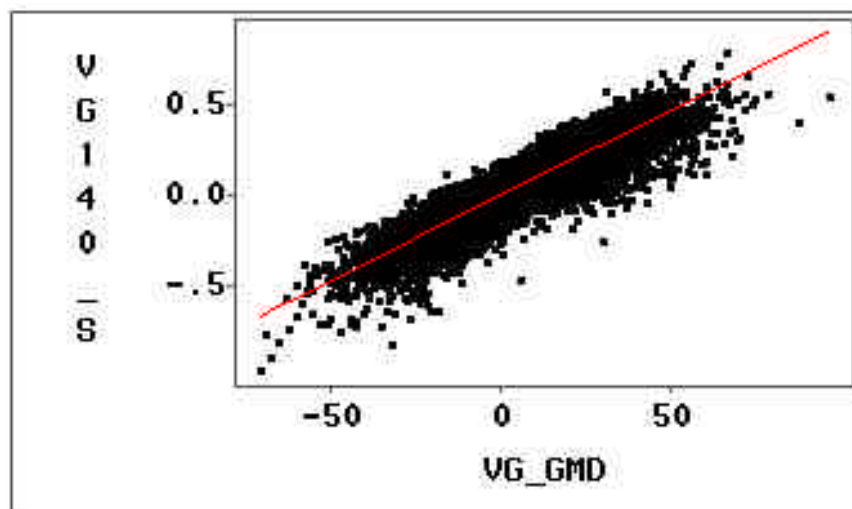


Figura 11 - Distribuição dos valores genéticos preditos para D140 obtido por análise de sobrevivência (VG140\_S) em relação a GMDPD (VG\_GMD)



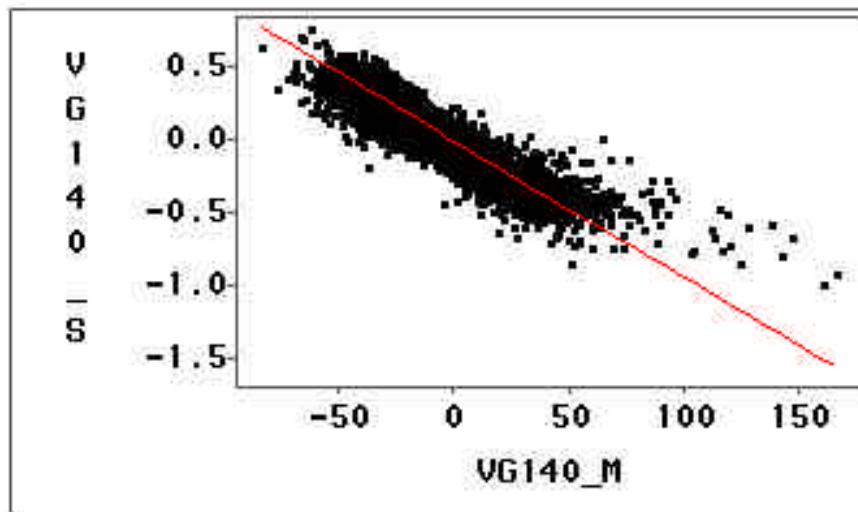


Figura 12 - Distribuição dos valores genéticos preditos para D140 por análise de sobrevivência (VG140\_S) em relação aos obtidos com modelo linear (VG140\_M)

Pela comparação da Figura 10 com as Figuras 11 e 12 pode-se verificar porque a correlação entre os valores genéticos de GMDPD e D140\_M foram as mais baixas. Neste caso visualiza-se maior ocorrência de pontos divergentes, decorrentes de indivíduos com valor genético extremo. Em todas as demais comparações também ocorrem pontos destacados do conjunto principal, e quase sempre esses animais caracterizam-se pelos GMDPDs abaixo das médias de seus respectivos grupos e classificação nos últimos decis. Em situações como esta, parece haver maior divergência entre os métodos, acarretando redução nas correlações. Como esses indivíduos possuem valores genéticos inferiores, não implicam em maiores comprometimentos, pois não são alvos de seleção. Para o restante dos animais, em geral, há maior concordância entre os resultados.

Tabela 4 - Correlações de Spearman (abaixo da diagonal) e de Pearson (acima da diagonal) entre valores genéticos preditos para D140 e GMDPD, a partir de diferentes métodos, para animais com registros de produção

	D140_S	D140_M	GMDPD
D140_S	--	-0,90	0,91
D140_M	-0,93	--	-0,88
GMDPD	0,93	-0,93	--

D140\_M: análise incluindo apenas D140 não-censurados, sob modelo linear; D140\_S: análise incluindo registros de D140 censurados e não-censurados, sob análise de sobrevivência.

As correlações entre os valores genéticos preditos dos animais com registro, apresentadas na Tabela 4, acompanham a tendência daquelas descritas na Tabela 3, para o conjunto total de animais. Entre as classificações, independente de incluírem apenas animais com registro ou o conjunto total, as alterações esperadas são da mesma ordem. No estudo de Oliveira (2003) foi constatado que a mudança de classificação dos indivíduos é influenciada pela variação do GMDPD dentro dos grupos de contemporâneos. Para verificar se o mesmo ocorre quando se avalia D140 com análise de sobrevivência, foram verificadas as mudanças de classificação dos melhores animais, segundo cada um dos critérios, quando reclassificados por outro. Os resultados destas verificações estão representados nas Figuras 13 a 18.

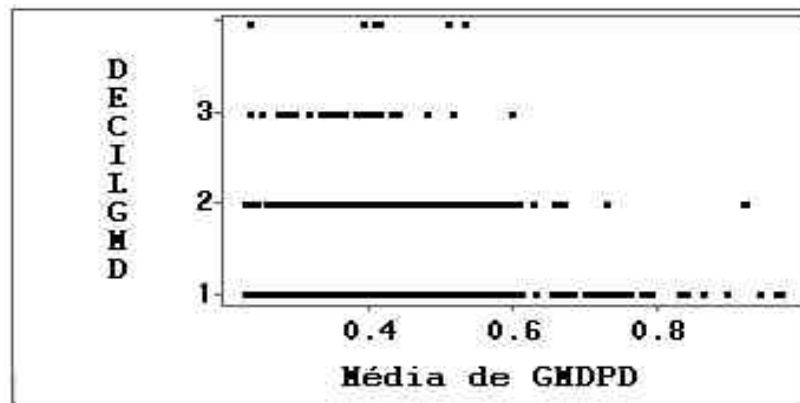
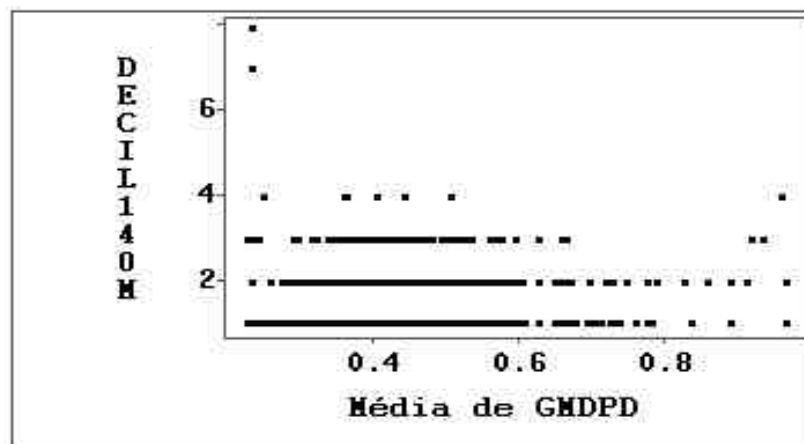


Figura 13 - Decil em que é classificado o animal pelo seu valor genético para GMDPD, em função da média do GMDPD do grupo de contemporâneos, para os animais pertencentes ao primeiro decil para D140\_S

Quando os indivíduos classificados pela primeira deca para D140\_S são reclassificados por GMDPD, nota-se que muitos deles irão assumir pior classificação segundo o novo critério (Figura 13). Isto implica que, dependendo da intensidade de seleção, deixariam de ser selecionados se o critério fosse GMDPD. As mudanças parecem ser mais freqüentes para indivíduos pertencentes a grupos de contemporâneos com médias mais baixas de GMDPD enquanto poucas mudanças ocorrem nos grupos com médias mais altas de GMDPD. Segundo Oliveira (2003), a variância de DIAS diminui em função da redução da média dos grupos de contemporâneos, com aumento da média de GMD. Desta forma, as diferenças entre os melhores animais e a média dos grupos para DIAS não é muito grande nos grupos com média baixa de DIAS. Assim, os animais com alto valor genético predito para GMD, quando provenientes de grupos de contemporâneos em que a média de GMD é alta, dificilmente terão valor genético para DIAS também alto, pois as diferenças entre estes e a média dos contemporâneos para DIAS é menor. Nos grupos com médias de GMD baixas a classificação é

mantida. Esta constatação é ainda mais evidente quando se utiliza modelo linear para análise de D140 (Figura 15), com mudanças para decis ainda maiores.



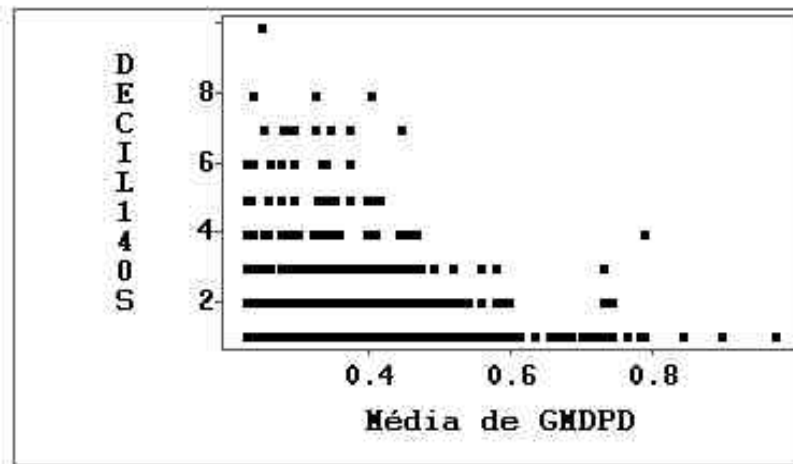


Figura 15 - Decil em que é classificado o animal pelo seu valor genético para D140\_S, em função da média do GMDPD do grupo de contemporâneos, dos animais pertencentes ao primeiro decil para D140\_M

A Figura 15 mostra que os animais provenientes de grupos com médias mais baixas de GMDPD são mais mal classificados na análise de sobrevivência. Aqui, mais uma vez, percebe-se a influência da média do grupo na reclassificação dos animais, corroborando a indicação que a maior variância dos grupos com menor média de GMDPD favoreceria os animais destes grupos na análise de D140 pelo modelo linear. Quando o segundo critério é o GMDPD (Figura 16), apesar de algumas discrepâncias, as mudanças seguem a tendência daquelas observadas na Figura 13, sendo, entretanto, mais visível que as mudanças que ocorrem em grupos com médias mais baixas de GMDPD.



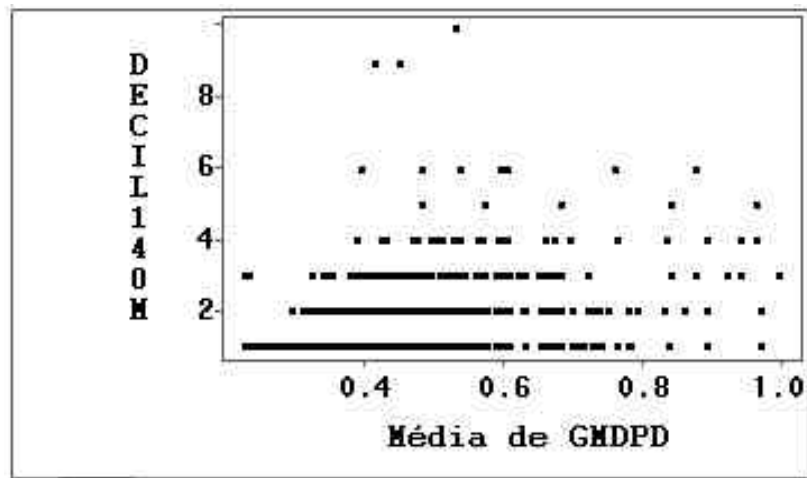


Figura 17 - Decil em que é classificado o animal pelo seu valor genético para D140\_M, em função da média do GMDPD do grupo de contemporâneos, dos animais pertencentes ao primeiro decil para GMDPD

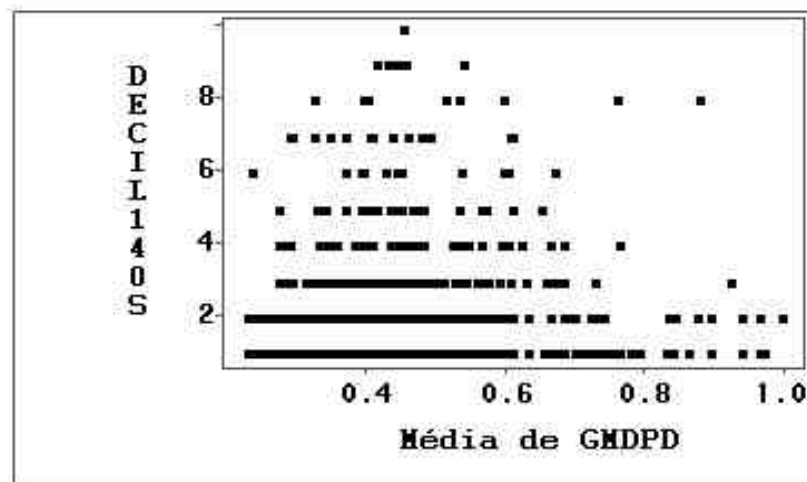


Figura 18 - Decil em que é classificado o animal pelo seu valor genético para D140\_S, em função da média do GMDPD do grupo de contemporâneos, dos animais pertencentes ao primeiro decil para GMDPD.

A Figura 19 representa a diferença nos valores genéticos médios de GMDPD dos animais que seriam selecionados utilizando-se como critério o

próprio GMDPD, em comparação com aqueles que seriam selecionados por D140\_S e por D140\_M.

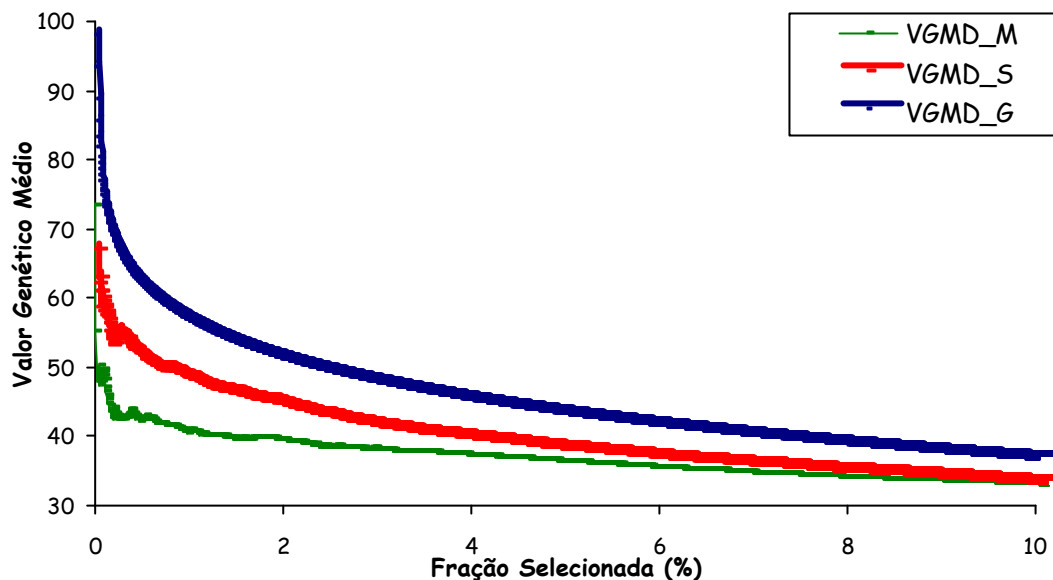


Figura 19 - Média do valor genético médio para ganho de peso médio diário da desmama aos 550 dias de idade (VGMD\_G) quando a seleção é baseada no próprio valor genético predito para GMDPD (VGMD\_G), quando é baseada no valor genético predito para D140\_M (VGMD\_M) e para D140\_S (VGMD\_S), em função da fração selecionada da população.

É relevante a diferença no GMDPD médio dos pais da próxima geração, como consequência do critério de seleção adotado. Esta diferença varia em função da porcentagem selecionada da população, mas é bastante expressiva no extremo superior, onde se situam os indivíduos que deverão ser selecionados se a intensidade seletiva for muito alta.

A diferença expressiva no valor genético médio para GMDPD dos indivíduos selecionados por cada um dos critérios contradiz as correlações entre classificações, que não se mostraram diferentes (Tabela 4). Com o objetivo de esclarecer esse fato, foram verificadas as proporções de



animais comuns em cada percentil, e que seriam selecionados pelos dois critérios, simultaneamente. Comparando-se D140\_M com D140\_S, foi constatado que 67 animais eram classificados no primeiro percentil pelos dois critérios. Para D140\_M com GMDPD havia 47 e D140\_S com GMDPD, 75. Estas coincidências ratificam as maiores médias de valores genéticos para GMDPD em caso de seleção para D140\_S, se comparados à seleção para D140\_M.

A verificação das divergências também leva à mesma conclusão. Dentre os animais classificados no segundo percentil de D140\_M, 142 animais se estenderiam do 2º ao 56º, enquadrando-se em 27 diferentes classes de D140\_S. Dentre aqueles do segundo percentil de D140\_M, 162 seriam distribuídos nos 18 primeiros percentis de GMDPD, e 134 animais selecionados por D140\_S pelos 6 primeiros percentis de GMDPD. Nota-se, portanto, que para D140\_S e GMDPD, as divergências nas classificações são as menores.

Para se conhecer como as correlações e as mudanças de classificação podem refletir na resposta à seleção, é interessante avaliar também qual sua magnitude no conjunto de 971 touros, pais de filhos com registros de produção (Tabela 5).

Tabela 5 - Correlações de Spearman (abaixo da diagonal) e de Pearson (acima da diagonal) entre valores genéticos preditos para D140 e GMDPD, a partir de diferentes métodos, para os touros, pais de animais com registros de produção.

	D140_S	D140_M	GMDPD
D140_S	--	-0,91	0,92
D140_M	-0,93	--	-0,90
GMDPD	0,91	-0,93	--

D140\_M: análise incluindo apenas D140 não-censurados, sob modelo linear; D140\_S: análise incluindo registros de D140 censurados e não-censurados, sob análise de sobrevivência.

As correlações de Pearson obtidas a partir dos valores genéticos de touros praticamente não diferiram daquelas para o rebanho completo e para animais com produção, mas seguem a mesma tendência de serem maiores entre GMDPD e D140\_S. Por serem menores que 1, as correlações de Spearman apresentadas nas Tabelas 3, 4 e 5 representam que alguns dos touros selecionados por um dos critérios não o seriam pelo outro, e analisando-se apenas a correlação, parece que esta divergência deve ser um pouco maior quando se compara GMDPD com D140\_S.

Correlações menores que um são esperadas, mas a magnitude das mudanças é que merece atenção e análise. Esses resultados indicam que indivíduos selecionados por uma característica transmitiriam diferente grau de habilidade de crescimento, quando medido pela outra, e esse fato reforça a importância da escolha do método para predição dos valores. A não-coincidência pode ser mais bem compreendida com o exemplo mostrado

nas Tabelas 6, 7 e 8, em que são comparadas as mudanças de classificação dos touros para cada um dos critérios.

Tabela 6 - Classificação dos dez melhores touros para cada um dos critérios, segundo a ordem de classificação pelo valor genético predito para GMDPD.

GMDPD	Critério da 2ª classificação	
	D140_S	D140_M
1	4	1
2	1	8
3	2	5
4	11	21
5	3	7
6	15	48
7	5	26
8	38	89
9	14	35
10	6	33

D140\_M: análise incluindo apenas D140 não-censurados, sob modelo linear; D140\_S: análise incluindo registros de D140 censurados e não-censurados, sob análise de sobrevivência.

As mudanças nas classificações fornecidas por cada critério e método, tal qual estão descritas na Tabela 6, devem resultar em diferentes respostas à seleção para GMDPD. Em ambos os casos, os animais permanecerão entre os 10% melhores animais para todos os critérios analisados, mas maiores alterações são esperadas quando se compara GMDPD com D140\_M, enquanto as diferenças geradas pela alteração do critério para D140\_S são menos expressivas. Dos dez melhores animais para GMDPD, seis também o são para D140\_S, mas apenas quatro para D140\_M. Enquanto um dos touros piora até 81 posições após a reclassificação por

D140\_M, por D140\_S o que sofre maior mudança desce somente 30 posições.

Tabela 7 - Classificação dos dez melhores touros para cada um dos critérios, segundo a ordem de classificação pelo valor genético predito para D140\_S

D140_S	Critério da 2ª classificação	
	GMDPD	D140_M
1	2	8
2	3	5
3	5	7
4	1	1
5	7	26
6	10	33
7	20	12
8	12	17
9	18	2
10	13	4

D140\_M: análise incluindo apenas D140 não-censurados, sob modelo linear; D140\_S: análise incluindo registros de D140 censurados e não-censurados, sob análise de sobrevivência.

Tabela 8 - Classificação dos dez melhores touros para cada um dos critérios, segundo a ordem de classificação pelo valor genético predito para D140, sob análise de sobrevivência (D140\_S)

D140_M	Critério da 2ª classificação	
	GMDPD	D140_S
1	1	4
2	18	9
3	57	39
4	13	10
5	3	2
6	91	107
7	5	3
8	2	1
9	11	23
10	56	28

D140\_M: análise incluindo apenas D140 não-censurados, sob modelo linear; D140\_S: análise incluindo registros de D140 censurados e não-censurados, sob análise de sobrevivência.

Ao comparar as classificações dos dez melhores touros para D140\_M, as mudanças são as mais expressivas, de modo que quando os touros são reclassificados por D140\_S, um deles chega a mudar de decil. A partir das correlações entre classificações e das comparações apresentadas, fica claro que a seleção para GMDPD e para D140\_S irão compreender mais animais em comum que qualquer uma delas comparada com D140\_M, produzindo, como consequência, ganhos em GMDPD muito próximos.

A intensa mudança de classificação já foi observada em outros estudos (Oliveira, 2003; Simonelli et al. 2001; Muniz, 2001; Valle Garnero, 1999; Ortiz Peña, 1998) e no período pós-desmama pode ser atribuída, de acordo com Oliveira (2003), à menor média e maior coeficiente de variação

em relação à fase anterior, o que acentua os efeitos da heterogeneidade de variância. Outra observação desse autor é a maior frequência de mudanças (em geral, melhora na classificação para DIAS), quando o desvio-padrão dos filhos do touro para GMDPD em relação ao grupo de contemporâneos é menor.

Nos estudos de Oliveira (2003), Muniz (2001), Valle Garnero (1999) e Ortiz Peña (1998) foram feitas comparações semelhantes às deste trabalho, apenas sob outra metodologia. Muniz (2001) constatou que quando todos os indivíduos são analisados, a associação é bem maior do que quando apenas uma parte da população é analisada. De acordo com os resultados obtidos neste trabalho, espera-se sempre diferença nas respostas à seleção, mesmo quando os touros são comparados separadamente, mas as menores diferenças devem ser as obtidas a partir de D140\_S e GMDPD.

No estudo de Ortiz Peña (1998), quando os animais foram classificados segundo o valor genético para GMD do nascimento à desmama, dos dez primeiros colocados apenas cinco também seriam selecionados para D160; para Muniz (2001) a coincidência foi de apenas dois touros. Ao considerar a situação inversa, ou seja, seleção para D160, Muniz (2001) encontrou três animais que seriam selecionados por ambos os critérios, e Ortiz Peña (1998) quatro, assim como para as mesmas comparações na fase pós-desmama.

Em nenhum dos estudos desenvolvidos até o momento ficou demonstrado que a seleção para DIAS resultaria em maiores ganhos que a seleção para GMD. Desta forma, a vantagem adicional da troca de mentalidade dos produtores é inviabilizada pelos resultados de estudos desenvolvidos com diferentes métodos e modelos, que não confirmaram que

maiores avanços poderiam ser obtidos, como decorrência da forma proposta para reduzir o tempo de recria e engorda dos animais. Na melhor das hipóteses, se empregada análise de sobrevivência, a seleção para DIAS pode igualar os resultados alcançados pela seleção para GMDPD. Além disso, a análise de sobrevivência, que é a mais indicada para características medidas em função do tempo, resultou em classificações mais próximas das de GMDPD do que se consegue obter com modelos lineares. Isto indica que quanto mais adequada for a análise para a característica Dias, mais ela vai se aproximar do valor inicial utilizado para sua obtenção (GMDPD).

## Conclusões

A análise de sobrevivência forneceu correlações entre os valores genéticos preditos de D140 maiores com *GMDPD* do que o modelo linear. Sendo assim, quanto mais acurado o método, mais os resultados de D140 irão se aproximar dos obtidos para *GMDPD*.

Analisada sob modelos mistos de sobrevivência, a seleção para a característica dias para ganhar 140 kg da desmama aos 550 dias de idade permite alcançar progresso da mesma ordem no *GMDPD* que a seleção para valor genético predito para *GMDPD*.

Nenhuma evidência foi encontrada neste trabalho que pudesse justificar a transformação de *GMD* para *DIAS*, uma vez que a utilização do modelo de sobrevivência apenas aproximou mais os resultados da análise de *DIAS* com os resultados de *GMD*.



## Literatura Citada

- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D.; KACHMAN, S.D. **A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAF]**. Lincoln, Department of Agriculture, Agricultural Research Service. 1995.
- DUCROCQ, V. Statistical analysis of length of productive life for dairy cows of the Normande breed. **Journal of Dairy Science**, v. 77, n. 3, p. 855-866, 1994.
- DUCROCQ, V.; QUAAS, R.L.; POLLAK, E.J.; CASELLA, G. Length of productive life of dairy cows . I. Justification of a Weibull model. **Journal of Dairy Science**, v. 71, n. 11, p. 3061-3070, 1988.
- DUCROCQ, V.; SÖLKNER, J. **The Survival Kit V3.12 User's Manual**. <<<http://www.boku.ac.at/nuwi/popgen>>> 2000.
- DÜRR, J.W.; MONARDES, H.G.; CUE, R.I. Genetic analysis of herd life in Quebec Holsteins using Weibull models. **Journal of Dairy Science**, v. 82, n. 11, p. 2503-2513, 1999.
- FRIES, L.A. Precocidade, precocidade e precocidade. In: SEMINÁRIO NACIONAL. Revisão de critérios de julgamento e seleção em gado de corte, 1996, Uberaba: ABCZ, 1996.
- KALBFLEISCH e PRENTICE (1980) apud WALLIN, L.; STRANDBERG, E.; PHILIPSSON, J.; DALIN, G., 2000, p. 278.
- LÔBO, R.B. **Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore**. 3. ed. Ribeirão Preto. Faculdade de medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, 88 p. 1996.
- MUNIZ, C.A.S.D. **Estudo de dois critérios de seleção na pré-desmama de bovinos da raça Gir**. 2001. 130 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal, Universidade Estadual Paulista, São Paulo.

- OLIVEIRA, H.N. **Comparação de critérios de seleção em gado de corte.** 2003. 150 f. Tese (Livre Docência) - Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, São Paulo.
- ORTIZ PEÑA., C.D. **Análise de critérios de seleção para precocidade sexual e de crescimento de bovinos da raça Nelore, no Paraguai.** 1998. 143 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal, Universidade Estadual Paulista, São Paulo.
- SAS Institute Inc. **SAS User's guide: basics.** Version 6.11. Cary, SAS Institute, 1990.
- SIMONELLI, S.M.; SILVA, M.A.; SILVA, L.O.C.; FONTES, C.A.; TORRES, R.A.; MARTINS, E.N.; SAKAGUTI, E.S. Critérios de seleção para características de crescimento no período pré-desmame em bovinos da raça Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., Piracicaba, 2001. **Anais...** Viçosa: SBZ, 675-677.
- SMITH, S.P.; ALLAIRE, F.R. Analysis of failure times measured on dairy cows, theoretical considerations in animal breeding. **Journal of Dairy Science**, v. 69, p. 217-227, 1986.
- VALLE GARNERO, A. V. **Comparação de critérios de seleção em gado de corte visando precocidade de crescimento.** 1999. 87 f. Dissertação (Mestrado em Ciências) - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, São Paulo.
- WALLIN, L.; STRANDBERG, E.; PHILIPSSON, J.; DALIN, G. Estimates of longevity and causes of culling and death in Swedish warmblood and coldblood horses. **Livestock Production Science**, v. 63, p. 275-289, 2000.

## CAPÍTULO 4

## IMPLICAÇÕES

Os resultados de estudos comparando as características dias para ganhar determinado peso e ganho médio diário, são controversos. Em praticamente todos eles, foram constatadas heterogeneidade de variância e distribuição assimétrica da característica "dias". Por isso, tornou-se necessário aprimorar sua análise, empregando-se metodologia robusta de estimação e avaliação genética, permitindo que as comparações entre os critérios pudessem ser feitas de forma mais acurada.

Para a análise e avaliação genética dos animais para a característica dias para ganhar determinado peso, a análise de sobrevivência forneceu estimativas de valor genético mais acuradas do que o modelo linear. Por isso, em estudos com a característica "dias", esta análise é a mais indicada. Nessas condições, os resultados para a característica DIAS tendem a se aproximar daqueles obtidos para GMD. Conseqüentemente as evidências são direcionadas para a seleção para GMD que, em todas as comparações efetuadas, resultaria nos maiores ganhos em crescimento.

Assim, se o objetivo é aumentar a precocidade de crescimento dos animais, dentre os critérios de seleção ganho médio diário e dias para ganhar determinado peso, o primeiro é o que deverá proporcionar as maiores respostas.