

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
“JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E TECNOLÓGICAS

ESTUDO DO PESO METABÓLICO E ÍNDICE DE KLEIBER
NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE
CARACTERÍSTICAS PONDERAIS EM UMA POPULAÇÃO
DE BOVINOS DE RAÇA BRAHMAN

Matos Manuel
Médico Veterinário

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
“JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E TECNOLÓGICAS

ESTUDO DO PESO METABÓLICO E ÍNDICE DE KLEIBER
NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE
CARACTERÍSTICAS PONDERAIS EM UMA POPULAÇÃO
DE BOVINOS DE RAÇA BRAHMAN

Matos Manuel

Orientador: Prof. Dr. Ricardo da Fonseca

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Tecnológicas-Unesp, Campus de Dracena como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Ciência e Tecnologia Animal.

2016

FICHA CATALOGRÁFICA
Desenvolvida pela Seção Técnica de Biblioteca e Documentação
Campus de Dracena

M294e

Manuel, Matos.

Estudo do peso metabólico e índice de Kleiber na estimação de parâmetros genéticos de características ponderais em uma população de bovinos de raça Brahman / Matos Manuel. -- Dracena: [s.n.], 2016.

75 f. : il.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Ciências Agrárias e Tecnológicas de Dracena. Área do conhecimento: Produção Animal, 2016.

Orientador: Ricardo da Fonseca
Inclui bibliografia.

1. Componentes de variância. 2. Correlação genética. 3. Herdabilidade. I. Título.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

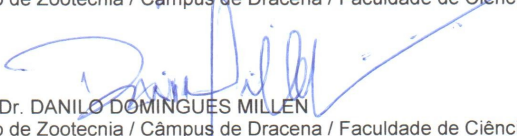
TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: Estudo do peso metabólico e Índice de Kleiber na estimação de parâmetros genéticos de características ponderais em população de bovinos de raça Brahman

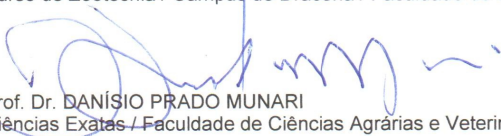
AUTOR: MATOS MANUEL

ORIENTADOR: RICARDO DA FONSECA

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em CIÊNCIA E TECNOLOGIA ANIMAL, área: PRODUÇÃO ANIMAL, pela Comissão Examinadora:


Prof. Dr. RICARDO DA FONSECA
Curso de Zootecnia / Câmpus de Dracena / Faculdade de Ciências Agrárias e Tecnológicas


Prof. Dr. DANILO DOMINGUES MILLEN
Curso de Zootecnia / Câmpus de Dracena / Faculdade de Ciências Agrárias e Tecnológicas


Prof. Dr. DANÍSIO PRADO MUNARI
Ciências Exatas / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal

Ilha Solteira: 26 de fevereiro de 2016.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

Matos Manuel – nascido aos 13 de Fevereiro de 1980, na cidade de Manica - Moçambique, filho de Manuel Soares e de Luísa Antonio. Em dezembro de 2010 conclui a graduação em Medicina Veterinária pela Universidade Eduardo Mondlane, Faculdade de Veterinária, Maputo, UEM – Moçambique. Em março 2014, iniciou no Programa de Pós – Graduação em Ciência e Tecnologia Animal , em nível de mestrado, área de concentração Produção Animal na Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - Programa interunidades do Câmpus de Dracena e Câmpus de Ilha Solteira, realizando estudos na área de “Melhoramento Genético de Bovinos de corte”, como bolsista da Cnpq.

“Pensamento positivo; a vida flui muito melhor,
motivação e autoconfiança são essenciais para viver bem,
lembre-se sempre: lutar sempre, vencer talvez, desistir jamais.”

Gracyanne Barbosa

A **Deus**, autor da minha vida, por estar sempre ao meu lado e por tornar tudo possível. A minha avó **Darezua** (in memoriam), pelos ensinamento seu exemplo de luta feminina para conciliar seu tempo e sua vida como mulher, que, ainda, me ensinou a humildade, honestidade e tolerância. Aos meus pais, aos quais devo a minha existência e minha educação. A todos que puderam participar direta ou indiretamente de minha vida.

Com todo carinho, dedico!

AGRADECIMENTOS

À **Deus**, por tudo que tem me concedido: alimento diário, saúde, trabalho, luz espiritual para livrar da trevas, coragem para enfrentarmos as batalhas, fé para superar as barreiras do mundo, amizades que conquistei ao longo da vida em particular no Brasil, amigos que nos fazem crescer e fortalecer, derrotas que me ensinaram a ser mais humilde, todas as vitórias diante de tantas adversidades, maravilhoso Dom da vida, tudo isso agradeço porque teu é o poder a honra e a glória, para todo o sempre...!!!

À minha avó **Darezua** (in memoriam), pelos ensinamento seu exemplo de luta feminina para conciliar seu tempo e sua vida como mulher, que, ainda, me ensinou a humildade, honestidade e tolerância.

Aos meus pais, aos quais devo a minha existência e minha educação.

À toda minha família, pelo apoio e carinho.

Ao meu orientador Prof. Drº Ricardo da Fonseca tenho muito a agradecer. Primeiro pela confiança que ele depositou em mim, pela paciência e pelo conhecimento que adquiri. Porém, meus agradecimentos vão além, mais que meu orientador ele se tornou um amigo para vida toda. Minha eterna gratidão pela minha evolução intelectual e, sobretudo, pela minha evolução espiritual pelo exemplo de ser humano que ele se tornou para mim.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudos.

À Lígia Cavani, que tanto me auxiliou na concretização do projeto de pesquisa, despendendo horas e horas do seu tempo com esse projeto. Levarei sempre comigo, em minha carreira e vida pessoal seus preciosos exemplo.

Ao Dr. Rafael Keith Ono e Dr. Diogo Anastácio Garcia pelas inúmeras vezes que me disse “calma, vai dar tudo certo Matos”, e acho que deu mesmo... Obrigado por tudo que fez por mim, força e motivação.

À equipe do LuCCA-Z nomeando: Thamilis, Rafael, Michele, Tássia, Orlando, Michel, Adam, Juliana, Camila e Matilde pela amizade, paciência, ajuda e por proporcionar um ambiente de trabalho tão prazeroso.

À minha namorada Mirian de Faria pelo apoio, amor, companheirismo e paciência nos momentos difíceis.

E a todos os colegas do mestrado.

À Coordenadora do Programa de Pós – Graduação em Ciência e Tecnologia Animal, Profa. Dra. Rosemeire da Silva Filardi e a todos os professores do PPG Ciência e Tecnologia Animal.

À Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) pelo fornecimento do banco de dados de bovinos da raça Brahman, utilizado neste trabalho.

À todos os funcionários da UNESP de Dracena, em especial ao Heloísa Belo pelas inúmeras caronas de Câmpus da Unesp a Dracena.

À Universidade Lúrio pela liberação para efetivação do presente estudo.

Aos membros da banca de qualificação, Prof. Dr. Danilo Domingues Millen e Prof. Dr. Celso Tadau Miasaki colaboração e sugestões.

Aos companheiros da República k-baret pela amizade, convergência, aprendizado e inúmeros momentos de descontração.

E a todos aqueles que torceram por mim e que fizeram parte de alguma maneira para a realização deste trabalho.

Muito Obrigado!

SUMÁRIO

PÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS.....	1
1 INTRODUÇÃO.....	1
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	4
2.1 A pecuária bovina de corte no brasil, moçambique e raça Brahman.....	4
2.2 Características ponderais.....	7
2.2.1 Peso ao desmame.....	8
2.2.2 Peso ao primeiro ano.....	9
2.2.3 Peso ao sobreano.....	10
2.3 Peso metabólico.....	11
2.4 Alternativas para medir eficiência alimentar (índice de kleiber – IK).....	13
2.5 Estimação de parâmetros genéticos.....	14
2.5.1 Herdabilidade.....	15
2.5.2 Correlação genética (rg).....	16
REFERÊNCIAS.....	17
CAPÍTULO 2 – ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE DESMAMA E PÓS – DESMAMA EM BOVINOS BRAHMA.....	23
CHAPTER 2 – ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS FOR WEANING CHARACTERISTICS AND POST WEANING IN BRAHMAN CATTLE.....	24
1 INTRODUÇÃO.....	25
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	27
2.1 Descrição dos dados.....	27
2.2 Edição de dados.....	28
2.3 Estimativas de parâmetros genéticos.....	28
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	30
4 CONCLUSÕES.....	38
REFERÊNCIAS.....	39
CAPITULO 3 – ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS PONDERAIS E ÍNDICE DE KLEIBER EM UMA POPULAÇÃO DE BOVINOS DA RAÇA BRAHMAN.....	41
CHAPTER 3 – ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS OF WEIGHT FEATURES	

5 AND KLEIBER INDEX IN A CATTLE POPULATION OF BRAHMAN.....	42
1 INTRODUÇÃO.....	43
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	45
2.1 Descrição de dados.....	45
2.2 Formação dos dados utilizados nas análises (ajuste dos pesos, cálculo de pesos metabólicos, ganho de peso médio diário e índice de kleiber).....	46
2.4 Formação dos grupos de contemporâneo (gc).....	46
2.5 Estimação de parâmetros genéticos.....	47
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	46
Estatísticas descritivas.....	49
4 CONCLUSÕES.....	59
REFERÊNCIAS.....	60

ESTUDO DO PESO METABÓLICO E ÍNDICE DE KLEIBER NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS PONDERAIS EM UMA POPULAÇÃO DE BOVINOS DE RAÇA BRAHMAN

RESUMO - Com vista à padronizar as análises, os programas de melhoramento genético na pecuária de corte estabelecem determinadas idades nas quais os pesos são ajustados antes de serem avaliados e no processo de seleção, as estimativas de variabilidade genética aditiva são muito importante. Neste estudo propusemos estimar parâmetros genéticos para pesos ajustados a desmama (P205), ao 1 ano (P365) e sobreano (P550), peso metabólico ajustados (PMa205), ao 1 ano (PMa365), sobreano (PMa550) e peso metabólico real (PMr205), ao 1 ano (PMr365) e sobreano (PMr550), e estimar parâmetros genéticos para índice de kleiber (IK), ganho de peso diário (GPD) para entendimento das potenciais respostas à seleção e subsidiar a elaboração de estratégias de melhoramento. Análises genéticas foram realizadas em registros de animais do arquivo de dados com 36.505 animais pertencente à ABCZ (Associação Brasileira de Criadores de Zebu) sob dois modelos distintos. O modelo 1 incluiu o efeito genético aditivo direto e residual como aleatórios, além dos efeitos fixos do grupo de contemporâneos, definido pelas variáveis: fazenda de origem do animal junto ao criador, sexo, estação de nascimento, e o ano de nascimento, para características de pesos ajustados a P365, P550, peso metabólico ajustado PMa365, PMa550, peso metabólico real PMr365, PMr550 dias, ganho de peso GP205365, ganho de pesos GP365550, índice de Kleiber IK365 e índice de Kleiber IK550 dias. O modelo 2 incluiu, o efeito genético aditivo direto, materno, ambiente permanente materno e residual como aleatórios e os incluídos no modelo 1 (fixos) para características de P205, PMa205, PMr205, GPN205 e IK205. Para estimação de parâmetros genéticos foi utilizado o método de máxima verossimilhança restrita (REML) via software Wombat. A herdabilidade variou de 0,20 a 0,25 para P205 e P550; 0,16 a 0,20 para PMr205 e PMr550 e de 0,21 a 0,21 para PMa205 e PMa550 respectivamente. As correlações genéticas entre P205 com PMr205 e P205 com PMa205 são respectivamente 0,76 e 1. Para a correlação genética entre P550 e PMr550 e P550 com PMa550 foram 0,97 e 1. A correlação genética entre P205 e P550 foi 0,72, entre PMr205 e PMr550 foi 0,54 e para PMa205 e PMa550 foi de 0,71. As correlações genéticas entre P205 com PMa205 e P365 com PMa365 foram respectivamente 1,00 e 1,00. A herdabilidade variou de $0,24 \pm 0,02$ a $0,22 \pm 0,02$ para pesos ajustados, $0,26 \pm 0,06$ a $0,12 \pm 0,03$ para IK e 0,22 a 0,15 para GPD respectivamente. As correlações entre IK 205 e K550, IK365 e IK550, IK205 e IK365, IK205 e GPN205, IK205 e GP365550, IK365 e GP205365, IK550 e GP365550, IK205 e P205, IK550 e P550 foram 0,55, 0,09, -0,06, 0,98, 0,67, 0,95, 0,98, 0,96, 0,99 e 0,63 respectivamente. O peso metabólico ajustado e peso a idade-padrão demonstram semelhanças entre estimativas de parâmetros genéticos, as herdabilidade e correlações genéticas não são a mesma característica quando se trabalha com o peso a idade padrão ou peso metabólico não ajustado e O Índice de Kleiber apresenta vantagens de ser utilizado como critério de seleção nos programas de melhoramento genético

Palavras - chave: componentes de variância, correlação genética, herdabilidade peso a idade-padrão

METABOLIC WEIGHT STUDY AND KLEIBER INDEX IN THE PARAMETERS OF ESTIMATING GENETIC WEIGHT FEATURES IN A RACE OF BRAHMAN CATTLE POPULATION

Abstract - In order to standardize the analysis, breeding programs in beef cattle establish certain ages in which the weights are adjusted before being evaluated, and in the selection process, the additive genetic variability estimates are very important. In this study, proposed to estimate genetic parameters for weights adjusted weaning (W205) to one year (W365) and yearling (W550), metabolic weight adjusted weaning (AMW205) to one year (AMW365) and yearling (AMW550) and weight real metabolic weaning (RMW205) to one year (RMW365) and yearling (RMW550) to estimate genetic parameters to Kleiber index (KI), average daily weight gained (ADWG), for more comprehensive understanding of potential responses to selection and to support the development of the breed improvement strategies and to demonstrate the consequences of the metabolic weight value, without any correction for age on the estimation of variance components and prediction of genetic values. Genetic analyzes were conducted on animals records of the data file with 36,505 animals belonging to ABCZ (Brazilian Association of Zebu Breeders) in two different models. Model 1 included direct additive genetic effect and residual as random, besides the fixed effects of contemporary group, defined by variables: the animal farm origin with the creator, sex, birth season, and year of birth, for features of W365, W550, AMW365, AMW550, RMW365 and RMW550, weight gain of WG205365; weight gain WG365550; Kleiber index KI365 and Kleiber index to KI550. Model 2 included the direct additive genetic effect, maternal, permanent maternal environment and residual as random and the included in the model 1 (fixed) for features W205, AMW205, RMW205, average daily gained weight from birth to weaning GWB205 and index Kleiber KI205 days. To estimate genetic parameters the restricted maximum likelihood method (REML) used Wombat software. The heritability ranges from 0.20 to 0.25 for W205 and W550; 0.16 to 0.20 for RMW205 and RMW550 from 0.21 to 0.21 for AMW205 and AMW550 respectively. Genetic correlations between W205 with RMW205 and W205 WITH AMW205 are respectively 0.76 and 1. For the genetic correlation between W550 and RMW550 and W550 with AMW550 were 0.97 and 1. The genetic correlation between W205 and W550 was 0.72, between RMW205 and RMW550 was 0.54 and for AMW205 and AMW550 was 0.71. Genetic correlations between W205 with AMW205 and W365 with AMW365 are respectively 1.00 and 1.00. Heritability ranges from 0.24 ± 0.02 to 0.22 ± 0.02 for adjusted weights 0.26 ± 0.06 to 0.12 ± 0.03 and KI to 0.22 to 0.15 ADWG, respectively. Correlations between KI 205 and KI550, KI365 and KI550, KI205 and KI365, KI205 and GWB205, KI205 and WG365550, KI365 and WG205365, KI550 and WG365550, KI205 and W205, KI550 and W550 were 0.55, 0.09, -0.06, 0.98, 0.67, 0.95, 0.98, 0.96, 0.99 and 0.63 respectively. Adjusted metabolic weight and the weight at standard age demonstrate similarities between estimates of genetic parameters, heritability and genetic correlations are not the same feature when working with the weight of the standard age or unadjusted metabolic weight. Kleiber Index has advantages of being used as selection criteria in genetic improvement programs

Keywords: variance components, genetic correlation, heritability, weight at standard age

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

1 INTRODUÇÃO

A pecuária de corte representa um dos mais importantes setores agrícolas no Brasil. Abundância de pastagens, o tamanho do rebanho, os investimentos em gestação, genética e segurança alimentar (MILLEN et al., 2011), são fatores que têm contribuído para o país se tornar um dos maiores exportadores de carne bovina do mundo. O Brasil é o segundo maior produtor de carne bovina no mundo, e atingiu a produção de 50.950 mil toneladas no ano de 2014, ficando à frente da China com cerca de 48.100 toneladas e Estados Unidos com cerca de 33.600 toneladas no mesmo ano. O rebanho nacional hoje conta com cerca de 198,3 milhões de cabeças bovina (ANUALPEC, 2015).

A formação do rebanho brasileiro começou com as primeiras importações do zebu, de 1930 a 1960. Registrou-se a entrada de apenas 6.300 zebuínas e 800.000 taurinos importados da Índia. Hoje o cenário é completamente diferente, sendo cerca de 80% desse rebanho composto por zebuínos.

Entre as diferentes raças criadas pelos produtores brasileiros, a raça Brahman, originária dos EUA, é amplamente utilizada para a produção de carne. De acordo com Associação Brasileira de Inseminação Artificial, o sêmen de Brahman representou 3,21% do total do mercado, ficando em quinto lugar entre as 52 raças geridas pela (ASBIA, 2011).

Dentre as raças que compõe o rebanho brasileiro, Brahman é a raça zebuína de corte que mais cresce no país. Devido ao desempenho positivo da Brahman e sua boa adaptação às condições climáticas brasileira, os produtores estão aumentando os investimentos na criação desta raça. Na verdade, de acordo com Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU - ABCZ), a população Brahman aumentou cerca de 98% nos anos de 1995 a 2012 (ABCZ, 2012). No Brasil o Brahman tem sido muito usado para a realização de cruzamento industrial com diversas raças devido a características positivas tais como precocidade, fertilidade, habilidade materna, rendimento de carcaça e rusticidade (ACBB, 2012a).

Durante o processo de seleção, as estimativas de variabilidade genética aditiva são muito importantes, uma vez que estão diretamente relacionadas ao ganho genético da característica a ser melhorada. As estimativas de correlação genética entre duas ou mais características também são relevantes para a mensuração de respostas indiretas e definição de estratégias de seleção que contribuem com a redução de custos de produção e aumento de progresso genético dos animais.

As principais fontes de informação das avaliações genéticas de gado de corte é o peso corporal observado ao longo da vida dos animais. O peso corporal do gado é uma característica primária utilizada para aumentar a produção de carne e é medido em vários pontos ao longo do desenvolvimento do animal (ZUIN et al., 2012). Consequentemente, essas características são frequentemente utilizadas em programas de melhoramento genético, e têm de média a alta estimativa de herdabilidade (FARIA et al., 2011). Além disso, características de peso corporal tendem a ser geneticamente correlacionadas, e assim peso pré-desmame pode ser usado para identificar precocemente os animais que terão melhor desempenho em idades posteriores (FARIA et al., 2011).

Com vistas à padronizar as análises, os programas de melhoramento estabelecem determinadas idades nas quais os pesos são ajustados, antes de serem avaliados. Essas idades recebem a denominação de idades-padrão e são adotadas segundo princípios biológicos ou meramente cronológicos. As análises consideram que os pesos ajustados para determinada idade são observações de característica diferente das formadas pelos pesos em outras idades.

Outra característica desejável, o peso metabólico relaciona-se com a massa corporal e leva em consideração o crescimento alométrico do animal, tal característica proporciona melhor meio de comparação entre animais com idades diferentes, visto que animais menores produzem mais calor e consomem mais alimentos por unidade de tamanho corporal do que animais maiores, pois a taxa metabólica basal varia conforme a idade (HEADY, 1975). Sendo assim, o peso metabólico apresenta possibilidade de ser utilizado como critério de seleção, uma vez que o mesmo é utilizado para comparar animais de diferentes idades em relação às suas exigências básicas nutricionais, apresentando uma correção para a idade do animal ao invés de se utilizar os pesos corrigidos para idades-padrão. Os pesos metabólicos são calculados considerando as exigências e características específicas de cada raça, podendo promover ganhos genéticos mais vantajosos aos obtidos levando em consideração os pesos em idade padrão quando considerado um índice que leve em consideração demanda de energia e peso à

determinada idade. Os requerimentos nutricionais para manutenção são considerados o fator isolado mais importante na produção de carne bovina. No entanto, segundo Bishop (1992) pouco se conhece sobre sua base genética e sobre suas correlações genéticas com o desenvolvimento ponderal, o consumo de alimentos e a composição de carcaça.

Portanto, em programa de seleção genética com vistas a aumentar o desempenho do crescimento, a fim de conseguir animais mais eficientes do ponto de vista energético, melhorando pesos é necessário. A maioria dos índices de eficiência alimentar tem a desvantagem de ser medida a partir do consumo individual dos animais, tornando os custos mais altos na identificação dos animais superiores para essa característica (ROBINSON; ODDY, 2004).

Essa seleção pode ser executada por meio do índice de Kleiber, o qual não necessita de mensuração individual de consumo e tem sido utilizado para identificar animais com alta eficiência de crescimento relativo ao tamanho corporal (ARCHER et al., 1999; ARTHUR et al., 2001a; GOMES et al., 2012). Um alto valor do índice de Kleiber indica uma maior diluição das exigências de manutenção. Isso implica que o ganho de peso diário aumenta em detrimento do aumento do peso vivo metabólico, sendo obtido maior crescimento corporal sem aumento do custo da energia de manutenção.

Assim sendo, os objetivos com a realização deste trabalho foram demonstrar a forma de utilização do peso metabólico nas análises para estimação de parâmetros genéticos e estudar a possibilidade de utilização do índice de Kleiber para seleção de animais com menor energia de manutenção e pesos adequados nas idades-padrão.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 A pecuária bovina de corte no Brasil, Moçambique e a raça Brahman

A bovinocultura de corte é um dos principais destaques do agronegócio brasileiro no cenário mundial, sendo o Brasil o segundo país com o maior rebanho efetivo do mundo, em que 80% do gado de corte é da raça Nelore ou de seus cruzamentos, o que equivale a mais de 100 milhões de cabeças (ACNB, 2014). O Brasil ocupa também a segunda posição mundial na produção de carne bovina com cerca de 50.940 mil toneladas, sendo liderado pela Índia com cerca de 66.000 toneladas e seguida pela China e Estados Unidos com cerca de 48.100 e 33.600 respectivamente (ANUALPEC, 2015).

Os dados da Pesquisa Trimestral do Abate de Animais, registraram, para o ano de 2012, o abate de 31,118 milhões de cabeças e a produção de 7,351 milhões de toneladas de carne sob inspeção sanitária (IBGE, 2011). Esses números mostram a potencialidade que o país tem na produção da carne.

O País iniciou o novo milênio em segundo lugar no tamanho do rebanho bovino (aproximadamente 164 milhões de animais) e na produção de carne bovina (ANUALPEC, 2002); porém, tem potencial para continuar crescendo. O efetivo de bovinos foi de 197,7 milhões de cabeças no ano 2015, variação de - 0,7% sobre 2014 que tinha cerca de 198,3 milhões de cabeças (ANUALPEC, 2015).

Mudanças estruturais importantes estão acontecendo na pecuária brasileira, principalmente pela disputa por área com grãos e cana-de-açúcar. Assim, a competição da pecuária com áreas agricultáveis prosseguirá e irá exigir que a bovinocultura de corte seja cada vez mais eficiente no Brasil (POLL et al., 2013). Devido à demanda de eficiência dentro do sistema de criação da bovinocultura, os programas de melhoramento animal devem selecionar características que contribuam significativamente para o alcance desta meta. Bindon e Jones (2001) relataram que mudanças estruturais que moldaram a bovinocultura de carne na Austrália foram todos acompanhados por modificação de sistemas de produção, programas de melhoramento, a estrutura do rebanho, procedimentos de processamento. Austrália tem sido o segundo maior exportador de carne bovina do mundo com exportação cerca de 1.100 mil toneladas equivalente - carcaça, atrás apenas do México e, o Brasil em quarta posição com exportação de cerca de 820 mil toneladas equivalente carcaça. No entanto, a pecuária do país está numa fase

de ajustes, e por isso as vendas externas devem estagnar na próxima década. As exportações brasileiras de carne bovina podem atingir o volume de 2 milhões de toneladas em 2015, aumento de 5% sobre 2014 (ANUALPEC, 2015). A carne brasileira chega ao mercado internacional com valor extremamente competitivo, pois o custo de produção brasileiro está entre os menores do mundo. Já a produtividade ainda é reduzida em comparação com outros países. O melhoramento genético animal pode contribuir para o aumento da produtividade da bovinocultura de corte, por meio de seleção de animais geneticamente superiores à média da população e pela disseminação desse material genético. Existem diversos programas de melhoramento genético animal no país, possibilitando o alcance do progresso genético, o que pode levar ao setor ganhos extraordinários de volume e produtividade, condições determinantes para colocar o Brasil em condição de destaque como maior produtor de carne bovina (LUCHIARI FILHO; OTHERS, 2006).

As avaliações genéticas de bovinos de corte no Brasil, normalmente contemplam características de crescimento, por serem de fácil mensuração e interpretação, além de que geralmente apresentam herdabilidade de magnitudes médias a altas, indicativo de que a seleção poderá resultar em progresso genético (BERTIPAGLIA et al., 2012; BOLIGON et al., 2009).

Em Moçambique estima-se que em 1993 o efetivo bovino foi cerca de 250 mil cabeças (FAO/WFP, 2010). Desde então, o efetivo bovino tem crescido a uma taxa anual de cerca de 10%. Em 2009, estimou-se a existência cerca de 1.335.000 cabeças. Atualmente, Moçambique possui cerca de 1.800.000 cabeças de gado bovino e, 5.000.000 de pequenos ruminantes (INE, 2010), apresentando potencial para continuar crescendo com introdução de programas de melhoramento genéticos.

Dados da organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura (Food and Agriculture Organization - FAO) apontam que os países desenvolvidos devem diminuir a produção de carne Bovina, enquanto países em desenvolvimento devem aumentar e tornar-se responsáveis por 60% da produção global. Em 2014, países emergentes aumentaram a oferta de carne bovina em 23% enquanto os desenvolvidos registram queda de 1,3% (ANUALPEC, 2015).

No entanto, a indústria de produção de carne bovina em Moçambique carece de um programa de manutenção de registro regional que fornece dados para estimar os parâmetros genéticos para serem usados em programas de melhoramento genético. Moçambique com cerca de um milhão e meio de cabeças de gado bovino constituindo o

efetivo atual desta espécie, está no nível mais baixo da África Austral (SERVIÇOS NACIONAIS VETERINÁRIA – SNV, 2011).

Em países abrangidos por regiões tropicais, a produção de carne é baseada, principalmente, em raças zebuínas (*Bos indicus*), e seus cruzamento em (*Bos taurus*) (CHIZZOTTI et al., 2008; YOKOO et al., 2010). As razões da disseminação do Zebu nos trópicos, dentre elas sua grande adaptação às condições tropicais como alta umidade e temperatura, alta carga de ecto e endoparasitas e pastagens com baixo valor nutricional, já são bem conhecidas. Todas as raças Zebu exibem epiderme preta e muitos, como o Nelore, Tabapuã e Brahman, exibem também pelame branco, a combinação ideal para ambientes tropicais. Esta condição é dificilmente encontrada em animais *Bos taurus* (DA SILVA et al., 2001).

O Brahman é uma raça originária dos Estados Unidos resultado do cruzamento de quatro importantes raças zebuínas: Nelore, Gir, Guzerá e Krishna Valley. Originalmente desenvolvida com o objetivo fundamental de aliar resistência às condições inóspitas do Golfo do México com características produtivas de raças inglesas (como Angus, Hereford e Shorthorn), a raça experimentou grande sucesso nas regiões tropicais, sendo criada em mais de 70 países (FELÍCIO, 2010).

Os dois últimos países a adotarem o Brahman foram a Tailândia e o Brasil. No Brasil o Brahman foi introduzido em 1994, tem sido muito usado para a realização de cruzamento industrial com as diversas raças existentes. A sua introdução ocorreu recentemente, com animais originários dos Estados Unidos. Posteriormente foram importados animais da Argentina, Colômbia e Paraguai, em um total de 976 animais. Desde a sua introdução, o Brahman não parou de crescer. Verificou-se um aumento de 630 para 17.823 animais registrados entre os anos de 2000 e 2009, notando-se um interesse crescente por parte dos produtores. No período de 1995 a 2009, o volume de registros genealógicos de nascimento cresceu, em média, 129% ao ano, e o total de animais com registro definitivo nesse período foi de aproximadamente 64.000 indivíduos. A expansão desse recurso genético vem sendo feita, principalmente, por meio do uso de sêmen, de fertilização in vitro e de transferências de embriões, além da realização de cruzamentos absorventes de fêmeas das raças Nelore e Guzerá com touros Brahman PO e POI (ABCZ, 2010). Entretanto, devido a sua recente introdução no país, poucos estudos foram efetuados com essa raça para contribuir na elaboração de diretrizes em programa de melhoramento da mesma. As principais características da raça Brahman são a sua capacidade de resistir a climas extremos (adaptabilidade), rusticidade, resistência a ectoparasitas, e boa

resposta em programas de cruzamento (RAZOOK et al., 1998). Além disso, apresenta também rendimento de carcaça e o peso ao acabamento melhor que Nelore, produção de carne magra e precocidade, características encontradas devido à seleção realizada em seu país de origem. Com base na revisão apresentada, conclui-se que o país está em condições mais que suficientes para ter um efetivo de mais de três milhões de cabeças de gado bovino. O reduzido número de efetivo deve-se à prevalência de doenças de âmbito transfronteiriço e ao conflito armado terminado oficialmente em 1992, que dizimou muitas cabeças de gado bovino. Entretanto, o efetivo de gado bovino têm-se recuperado nos últimos anos, com a importações de Zebu raça Brahman. As linhagens famosas que lembram o gado brasileiro, até no nome português. Em razão da introdução recente da raça em Moçambique, poucos estudos foram efetuados com essa raça. Portanto a aquisição de conhecimentos técnicos com essa raça no Brasil pode contribuir substancialmente para subsidiar a elaboração de diretrizes para programas de melhoramento da raça naquele país.

Aproveitando o conhecimento oferecido na atualidade acerca da utilização de tecnologias nos sistemas produtivos, como o maior uso de genética e melhoramento genético aplicado aos rebanhos bovinos no Brasil, Moçambique pode crescer bastante no cenário de bovinocultura, uma vez que o sistema de criação de gado bovino em Moçambique é muito primitivo, carecendo de tecnologias em ciência zootécnica e veterinária na produção animal. Quase na totalidade das explorações pecuária do país adota um sistema de produção extensiva e de baixa produção, não existindo nenhuma ação de melhoramento genético para qualquer espécie no país. Diante desta situação, a aplicação da experiência do Brasil e a qualificação técnico-científica no domínio da Genética e Melhoramento Animal torna-se não só uma necessidade, como também um imperativo nacional, considerando o potencial que esse setor tem a oferecer para o País.

2.2 Características ponderais

As características ponderais são importantes para a produção animal. Além de influenciar decisivamente sobre as demais funções exploradas pelo homem, caracteriza-se como um processo de desenvolvimento corporal de alta eficiência econômica (PEIXOTO, 1983). Em geral, tais características são as primeiras a serem obtidas e avaliadas em programas de melhoramento.

Na elaboração de programas de seleção, é imprescindível o conhecimento dos fatores

que influenciam o crescimento dos animais, bem como, das correlações genéticas entre elas, pois esses parâmetros genéticos constituem elementos básicos para o estabelecimento de diretrizes que possam orientar o melhoramento dos animais (OLIVEIRA et al., 1993).

As características que mais evoluíram são as características de pesos padronizados aos 120 dias, peso aos 240 dias, pesos aos 365 dias, peso aos 450 dias, peso aos 550 dias. Por outro lado, com o aumento do peso na idade jovem, também observou-se o aumento do peso dos animais na idade adulta, tendo maior impacto econômico no peso na idade adulta da vaca, o que é extremamente indesejado dentro de sistemas de produção, uma vez que o animal extremamente pesado na idade adulta tem exigências maiores na alimentação, e na sua taxa de manutenção levando por consequência a um maior custo na sua produção.

2.2.1 Peso ao desmame

O crescimento rápido e adequado é desejável nos bovinos de corte. Animais que apresentam maiores ganhos em peso necessitam de menos dias para atingirem o peso ideal de reprodução e/ou abate, tornando-se assim mais rentáveis e interessantes economicamente (VIEIRA et al., 2005). A seleção em gado de corte visa o crescimento e a reprodução. O crescimento lento resulta em prejuízos para o criador, em vista do retardamento da idade de abate e a baixa eficiência reprodutiva com a idade elevada à primeira cria e longos intervalos de partos (PEREIRA et al., 2004).

O peso aos 205 dias de idade (P205) é um indicador do peso à desmama, que é bastante estudado. Nessa característica verifica-se a manifestação do efeito dos genes do próprio animal para desenvolver-se (efeito direto) e o efeito dos genes da mãe do animal, influenciando seu desempenho (efeito de ambiente materno).

O peso ao desmame, padronizado para os 205 dias (P205) constitui uma informação muito importante no que se refere à seleção, pois sua correlação com os pesos às idades posteriores é bastante elevada. Além disso, é ao desmame que se efetuam as vendas de bezerros para recria e terminação, sendo o peso a esta idade fator limitante na comercialização. O peso a desmama (P205) é usada para avaliar o peso que o animal

ganhou durante a fase de lactação, ou seja, a fase na qual ele dependeu da habilidade materna, a qual reflete um conjunto de atributos que a vaca possui para fornecer o melhor desenvolvimento possível à sua cria, incluindo imunidade passiva, atenção, proteção e capacidade genética de adaptação (CARVALHO, 1998). Assim o desenvolvimento do bezerro até a desmama é resultado não somente do genótipo, ambiente e suas interações, mas também do efeito materno (MALHADO et al., 2004). Estudos realizados por Martins et al. (2000), com objetivo de analisar os fatores genéticos e do meio que exercem influência sobre os pesos ao nascer e à desmama e o ganho de peso do nascimento à desmama, em animais da raça Nelore criados no Estado do Maranhão observou que variações dentro e entre os anos devem ser consideradas no estabelecimento do manejo em geral.

Resultados de pesquisa com dados de registros de peso à desmama de bezerros do nascimento ao sobreano Cardoso et al. (2000), recomendaram considerar a época de nascimento dos animais e sua interação com outros fatores ambientais nas avaliações genéticas. Deve ser realizada a correção para época de nascimento, idade e sexo do animal.

Certas características, principalmente as de crescimento, como peso à desmama são influenciadas por dois genótipos, cada um funcionando em um indivíduo diferente. Este é um dos fatores responsáveis pela baixa taxa de crescimento e um alto número de perdas econômicas em animais, principalmente ao desmame.

Ocorrem assim, duas formas de expressão gênica: uma, direta, efeito dos genes do próprio indivíduo no qual a característica é medida (efeito genético direto) e outra, indireta, efeito dos genes da mãe do indivíduo, condicionando o ambiente que esta provê a seu produto durante a gestação e na fase de aleitamento (efeito materno).

2.2.2 Peso ao primeiro ano

O período de crescimento pós-desmame reflete a manifestação do potencial intrínseco do animal, pois neste período, o mesmo deixa de depender da mãe passando a se autossustentar.

O crescimento do animal pós-desmame é avaliado pelos pesos no primeiro ano, padronizado em 365 dias (P365). Nessa idade, o potencial genético do próprio animal é expresso em termos de ganho em peso, embora deva-se levar em consideração o efeito residual da habilidade materna, que vai decrescendo conforme o aumento da idade do

animal (VIEIRA et al., 2005). O peso dos novilhos na fase pós-desmame é utilizado como critério na seleção de animais, e fornece informações para a avaliação do mérito genético dos touros do rebanho, avaliando também sua capacidade de ganho em peso. Como o crescimento é um processo integrado, o desenvolvimento dos bovinos deverá ser avaliado pelos seus pesos nas idades padrão, como também pelos ganhos de peso nos períodos considerados. Logo, o peso aos 365 dias assume papel importante, sendo bastante utilizado como parâmetro da avaliação do crescimento e desempenho de bovinos criados em pasto (MALHADO et al., 2002).

Perotto et al. (2001) concluíram que o mês de nascimento do bezerro continua sendo importante efeito fixo de ambiente, atuando sobre as características pós-desmame, já que o produtor pode decidir em que meses os bezerros devem nascer, para se beneficiar com as melhores condições naturais, concentrando a estação de nascimentos nos meses que permitem a obtenção de maiores pesos à desmama.

2.2.3 Peso ao sobreano

A obtenção de peso aos 18 meses ou peso ao sobreano (P550), geralmente é a última pesagem realizada, em geral o produtor não permanecerá com animais machos após esta idade, que geralmente são vendidos como futuros reprodutores logo após desmame ou em idades inferiores aos 18 meses. Pedrosa (2006) cita que o peso ao sobreano é uma medida muito importante, pois indica o desenvolvimento do animal, com pouca influência dos efeitos maternos, tendo em vista que o animal já foi desmamado na maioria das vezes há mais de um ano. Biffani et al. (1999) analisaram as influências de ano e estação de nascimento, sexo, fazenda e idade da mãe sobre o desempenho ponderal de bezerros Nelores, dos 365 aos 550 dias de idade, criados nos Estados do Ceará e do Piauí, concluindo que o crescimento ponderal dos 365 até os 550 dias de idade foi influenciado por tais fatores. A estação de nascimento constitui fonte de variação importante, em que os animais nascidos na estação seca apresentam pesos maiores que os nascidos na estação chuvosa.

Com o objetivo de estimar parâmetros genéticos, fenotípicos e de ambiente para os ganhos diários de peso do nascimento à desmama, da desmama aos 12 meses, dos 12 aos 18 meses e dos 18 aos 24 meses de idade Mascioli et al. (2000), utilizaram a análise de componentes principais para examinar a relação entre os pesos em diferentes idades

e entre os ganhos de peso em animais da raça Canchim, com base nas estimativas de parâmetros genéticos obtidos, os melhores critérios de seleção para crescimento no Canchim foram os pesos aos 12 e 18 meses de idade ou os ganhos de peso da desmama aos 12 meses e dos 12 aos 18 meses de idade. A escolha de um ou outro dependerá das condições da fazenda e da época de nascimento. Também foi observado, por meio dos resultados das análises de componentes principais, que a variação nos pesos e ganhos de peso foi bem sumarizada por três componentes principais, que envolveram, principalmente, os pesos da desmama aos 24 meses de idade e os ganhos de peso entre essas idades. As observações analisadas por Ferraz Filho et al. (2002) com o objetivo de avaliar as mudanças genéticas aditivas diretas e maternas dos pesos padronizados para 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade de bovinos da raça Tabapuã no Brasil. Os ganhos genéticos observados para os pesos estudados foram positivos, porém bem aquém do possível, talvez em decorrência da pouca intensidade de seleção aplicada em alguns rebanhos.

Uma vez observada a influência dos efeitos fixos de ambiente, necessidades de formação de grupo de contemporâneo (GC). GC envolve um conjunto de animais que permaneceram juntos durante determinada fase da vida. Por exemplo GC de desmama, que refere-se a animais do mesmo sexo que permaneceram juntos do nascimento até à desmama. O GC é importante para o progresso genético de um programa de seleção, onde, animais pertencentes a diferentes GC podem ser comparados entre si e não apenas dentro dos grupos. Assim, animais que foram submetidos ao mesmo ambiente são comparados em relação à expressão de uma determinada característica avaliada (ELER, 2008).

2.3 Peso metabólico

As características relacionadas ao crescimento têm sido trabalhadas, sendo o peso corporal e a taxa de crescimento em idades jovens o critério de seleção mais utilizado pelos criadores de bovinos de corte no Brasil. Estas são características indicadoras do potencial de crescimento do animal, possibilitando a seleção de animais com maior precocidade de crescimento e maior peso ao abate. Em avaliações genéticas de gado de corte, os pesos corporais tomados durante a vida dos animais são as principais fontes de informação. Por outro lado a eficiência alimentar é uma das principais características a ser considerada, pois aumentará o potencial genético para que os animais tenham menor

consumo de alimento mantendo os mesmos níveis de produção. Desta forma será possível diminuir o custo para o produtor, já que a alimentação representa a maior despesa de todo o sistema de produção (NKRUMAH et al., 2006). Além disso, contribuirá para a solução da competição por áreas, pois segundo Basarab et al. (2003), animais mais eficientes contribuem para a redução de área de pasto.

A seleção de eficiência alimentar ou de animais mais eficientes do ponto de vista energético, permaneceu em segundo plano na indústria da carne bovina pela dificuldade de mensurar diretamente o consumo alimentar de bovinos de corte, particularmente em sistemas extensivos de produção. A alternativa mais fácil barata, é a seleção para ganho de peso. Outra razão para isso é a de que sempre se assumiu que a eficiência estaria intimamente correlacionada à taxa de ganho de peso (CAMERON, 1998; KENNEDY et al., 1993).

Ao longo dos anos, diferentes definições de eficiência alimentar têm sido propostas, sendo tradicionalmente, definida como uma razão de conversão alimentar (CA) (kg de consumo: kg de ganho) (ARCHER et al., 1999; ARTHUR et al., 2001a ; MOORE et al., 2009). Entretanto, a CA é um parâmetro altamente correlacionado geneticamente com aumento do tamanho e do peso adulto das vacas, o que é indesejável por comprometer a eficiência reprodutiva, e reduzir o ganho de peso no setor de cria (LANNA et al., 2003; MOORE et al., 2009).

Eficiência alimentar ou conversão alimentar estão entre os parâmetros mais conhecidos e são tradicionalmente os índices mais utilizados para mensurar eficiência alimentar em bovinos de corte (BERRY; CROWLEY, 2013), sendo que eficiência alimentar em sistemas de produção de carne é obtida pela razão entre ganho de peso diário (GPD) e o alimento consumido (ARCHER et al., 1999).

O peso vivo metabólico ($PV^{0,75}$), leva em consideração a taxa metabólica basal definida como o consumo de energia por unidade de peso corporal por unidade de tempo e varia como uma função de uma potência de expoente fracionário do peso corporal, que se determina habitualmente como o peso vivo corporal elevado a 0,75 ($PV^{0,75}$), então por ser difícil mensurar os consumos alimentares individuais, o peso metabólico, por ser uma medida fácil de se obter, poderia ser uma alternativa de fácil utilização e baixo custo na combinação de mediadas em substituição ao consumo alimentar como critério de seleção para eficiência alimentar.

Animais que possuem altas taxas de crescimento devido à seleção para conversão alimentar, tendem a ter elevado peso a maturidade e consequentemente altas exigências

alimentares no rebanho (ARCHER et al., 1999).

Praticamente todos os programas de melhoramento genético existentes para bovinos de corte enfatiza a seleção para aumento dos “outputs”, tais como pesos em diversas idades, ganho de peso diário, circunferência escrotal, características de carcaça e até mesmo o desempenho reprodutivo. A inclusão do peso metabólico na estimativa de parâmetros genéticos pode contribuir para fornecer subsídios para seleção, visando o uso dessa característica e medidas derivadas como critério de seleção dentro de um programa de melhoramento genético.

Pesquisas recentes estão demonstrando que há considerável variabilidade entre animais para consumo alimentar, mesmo quando este consumo é corrigido para peso e taxa de crescimento (ARCHER et al., 1999; ARTHUR et al., 2001b; BASARAB et al., 2003; CARSTENS et al., 2002; HERD et al., 2003; LIU et al., 2000). Por isso, uma característica alternativa de eficiência alimentar é o peso metabólico para a redução dos custos na alimentação e consequente incremento dos ganhos ao produtor. Devido à demanda de eficiência no sistema de produção de bovinos, os programas de melhoramento animal devem incorporar a seleção de características que contribuam para esta meta.

2.4 Alternativas para medir eficiência alimentar (Índice de Kleiber – IK)

Existe uma variedade de índices para descrever a eficiência alimentar, cada um refletindo de uma forma as diferenças biológicas e aspectos matemáticos, bem como suas interações com o ambiente (ARTHUR et al., 2004). A principal desvantagem da grande maioria dos índices de eficiência alimentar é a necessidade de medir consumo individual dos animais. Precisão de registro de dados e correto período de tempo para mensuração para todos os índices também é importante (ROBINSON; ODDY, 2004), como é o caso de todas as medidas de desempenho.

O parâmetro eficiência alimentar está entre os mais conhecidos e é tradicionalmente o índice mais utilizados para mensurar eficiência alimentar em bovinos de corte (BERRY, 2008), sendo que eficiência alimentar em sistemas de produção de carne é obtida pela razão entre ganho de peso diário (GPD) e o alimento consumido (ARCHER et al., 1999).

A eficiência para manutenção pode ser mensurada como a razão do peso corporal para

consumo com ganho de peso zero. Apesar da importância de mensurar este índice, existem dificuldades práticas associadas a essa mensuração (ARCHER et al., 1999). Uma delas é que ele não deve ser mensurado em animais em crescimento, porque a exigência de ganho de peso zero não é satisfeita. Com isso, para obter a verdadeira mensuração da eficiência de manutenção é necessário manter animais em constante peso corporal, um processo que pode levar até dois anos em gado de corte (TAYLOR et al., 1981).

Enquanto investigava o metabolismo energético, Kleiber (1936) descreveu mais um índice de eficiência alimentar, denominado Índice de Kleiber, o qual não necessita de mensuração individual de consumo e tem sido utilizado para identificar animais com alta eficiência de crescimento relativo ao tamanho corporal. Um alto valor indica uma maior diluição das exigências de manutenção. Isso implica que o ganho de peso diário aumenta em detrimento do aumento do peso vivo metabólico, consequentemente maior crescimento corporal é obtido sem aumento do custo da energia de manutenção. Ele é

calculado como $IK = \frac{GPD}{PV^{0,75}}$ em que $PV^{0,75}$ é o peso vivo metabólico durante o período de crescimento usado na avaliação (ARCHER et al., 1999). Para o Índice de Kleiber valores altos são mais favoráveis para a eficiência alimentar, indicando maior crescimento corporal obtido sem aumento do custo da energia de manutenção (ARCHER et al., 1999). Da mesma forma, a taxa relativa de crescimento mede a eficiência como o ganho de peso referente ao tamanho instantâneo do corpo. Uma meta-análise de cinco publicações científicas que avaliaram o IK em bovinos demonstrou que a sua herdabilidade estimada varia de 0,21 a 0,52 em animais em crescimento (BERRY; CROWLEY., 2013). Entretanto esse índice também pode impactar de forma negativa o aumento do tamanho adulto, já que ele leva em consideração o GPD e PV para seu cálculo.

2.5 Estimação de parâmetros genéticos

Os parâmetros genéticos são fundamentais para a estruturação de programas de melhoramento genético dos rebanhos. Os parâmetros mais importantes são: herdabilidade e correlações. As correlações podem ser: fenotípica, genética e ambiental ou residual.

Para a condução de programas de melhoramento genético dependemos principalmente do conhecimento das herdabilidades e correlações genéticas da população em questão (CORRÊA et al., 2006). De acordo com Cardoso et al. (2004) isto tem importância fundamental na determinação do método de seleção e na predição do ganho genético para a população de interesse.

Esses parâmetros genéticos dependem da frequência gênica e da variabilidade ambiental (FALCONER et al., 1996), sendo que podem mudar conforme a média e desvio padrão da população (KOOTIS et al., 1994).

2.5.1 Herdabilidade

A herdabilidade é o parâmetro que indica a consistência (confiabilidade) da utilização do fenótipo (desempenho produtivo do animal) na determinação do valor genético de uma característica na população.

A herdabilidade mede também o grau de semelhança entre os desempenhos fenotípicos dos filhos e dos pais. Se a herdabilidade é alta, os animais com desempenho elevado tendem a produzir filhos igualmente bons e os animais com baixo desempenho tendem a produzir filhos ruins. Se a herdabilidade é baixa, o desempenho dos pais revela muito pouco sobre o desempenho da progênie. A herdabilidade expressa, assim, quanto da variabilidade de uma característica é de origem genética (ELER, 2008).

Como medida matemática, herdabilidade é sempre positivo, variando de zero a 1 ou, de 0% a 100%. Características com herdabilidade próximos de zero são mal herdáveis, e características com herdabilidade perto de 1 são extremamente hereditárias. (herdabilidade acima de 0,7 são raros). Como regra, características com herdabilidade abaixo de 0,2 são considerados baixamente herdáveis, características com herdabilidade entre 0,2 e 0,4 são considerados moderadamente hereditárias, e características com herdabilidade acima de 0,4 são considerados altamente hereditárias (BOURDON; BOURBON, 1997).

As estimativas de herdabilidade direta encontradas na literatura para a raça Brahman em geral variaram de magnitude baixa a alta. Mostert et al. (1998) em análise bicaracterística para pesos de bovinos Brahman da África do Sul obtiveram herdabilidade direta para peso ao nascer (PN) (0,45), peso a desmama (PD) (0,25) e peso ao sobreano

(P550) (0,22). Plasse et al. (2002) trabalhando com bovinos da raça Brahman da Venezuela estimaram via análises bivariadas herdabilidade de média magnitude para PN (0,33), baixas para P205 (0,08) e peso ao sobreano (0,16, respectivamente).

Pico et al. (2004), para bovinos Brahman da África do Sul, estimaram herdabilidade direta para PN (0,28), peso ao desmame (0,14) e P550 (0,18). Ao estimar parâmetros genéticos de características produtivas de pré e pós - desmama em bovinos Brahman no Brasil, Vargas et al. (2014) encontraram estimativas de herdabilidade direta de 0,13 para peso ao desmama; 0,17 para peso ao ano e 0,23 para peso ao sobreano. Estrada-León et al. (2014) na estimação de parâmetros genético para características de crescimento pré – desmama de bovinos da raça Brahman no sudeste do México, encontraram herdabilidade para peso aos 205 dias de 0,43, sendo considerada alta. Estimativas de herdabilidade direta de magnitude superior (0,48) foram obtidas por Bertipaglia et al. (2012) em análises bivariadas para P550 para a raça Brahman do Brasil. Segundo Acevedo Jiménez (2012) parâmetros genéticos estimados dos pesos nas idades padrão na raça Brahman por ele estudados apresentam variabilidade genética suficiente para realizar a seleção dos animais. As correlações genéticas dos pesos encontrado indicam que a seleção simultânea para pesos às idades padrão pode ser eficiente.

2.5.2 Correlação genética (r_g)

A correlação genética entre duas características é, segundo Pirchner et al. (1983), a correlação entre efeitos dos genes que as influenciam. Falconer (1981) a define como correlação entre os valores genéticos dos indivíduos para as duas características sob consideração.

A correlação genética pode ser causada por pleiotropia ou por ligação gênica. A primeira é própria do gene, em termos de sua capacidade de causar correlação transiente entre as características (FALCONER, 1981; PIRCHNER et al., 1983). A correlação transiente pode desaparecer se a ligação gênica atinge o ponto de equilíbrio.

Ao estimar parâmetros genéticos de características produtivas de pré e pós – desmama em bovinos Brahman no Brasil, Vargas et al. (2014) verificaram que as correlações genéticas entre as características de peso corporal apresentaram alta magnitude, variando para as características de 0,72 – 0,99 em análises bicaracterísticas e 0,66 – 0,96 nas análises multi – características.

REFERÊNCIAS

- ABCZ. Estatísticas de RGN e RGD. , 2010. Disponível em: <Disponível em: <<http://www.abcz.org.br>>>. Acesso em: 14/10/2015.
- ABCZ. A História da Raça Brahman. , 2012. Disponível em: <Disponível em: <<http://www.brahman.com.br/index.php/raca-brahman/a-historia-da-raca-brahman.html>>>. Acesso em: 14/10/2015.
- ABCZ. Estatística total Brasil RGN + RGD - período 1939 a 2012. , 2013. Disponível em: <Disponível em:<<http://www.abcz.org.br/content/arquivos/AreaTecnica/Estatisticas/estatisticaGeral.xls>>>. Acesso em: 13/1/2015.
- ACBB. Estágio Atual da Raça. , 2012a. Disponível em: <Disponível em: <<http://www.brahman.com.br>>>. Acesso em: 13/1/2016.
- ACBB. Estágio Atual da Raça. , 2012. Disponível em: <Disponível em: <<http://www.brahman.com.br>>>. Acesso em: 27/1/2016.
- ACEVEDO JIMÉNEZ, E. E. Estimativa de componentes de (co) variância de características de crescimento na raça Brahman utilizando inferência bayesiana. , 2012. Disponível em: <<http://base.repositorio.unesp.br/handle/11449/92552>>. Acesso em: 26/2/2015.
- ACNB., 2014. Disponível em: <Disponível em: <http://www.nelore.org.br>>. Acesso em: 14/10/2015.
- ANUALPEC., p. 400, 2002. São Paulo: FNP.
- ANUALPEC, F. Anuário da pecuária brasileira. **São Paulo**, p. 335, 2015.
- ARCHER, J. A.; REVERTER, A.; HERD, R. M.; et al. Genetic variation in feed intake and efficiency of mature beef cows and relationships with postweaning measurements. World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. **Anais...** . v. 7, p.221–224, 2002. Disponível em: <http://www.livestockgenomics.csiro.au/courses/TR_publications/WCGALP_02_10-07.pdf>. Acesso em: 9/10/2015.
- ARCHER, J. A.; RICHARDSON, E. C.; HERD, R. M.; ARTHUR, P. Potential for selection to improve efficiency of feed use in beef cattle: a review. **Australian Journal of Agricultural Science**, v. 50, p. 147–161, 1999.
- ARTHUR, P. F.; ARCHER, J. A.; HERD, R. M. Feed intake and efficiency in beef cattle: overview of recent Australian research and challenges for the future. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v. 44, n. 5, p. 361–369, 2004.
- ARTHUR, P. F.; ARCHER, J. A.; JOHNSTON, D. J.; et al. Genetic and phenotypic variance and covariance components for feed intake, feed efficiency, and other postweaning traits in Angus cattle. **Journal of animal science**, v. 79, n. 11, p. 2805–2811, 2001a.
- ARTHUR, P. F.; ARCHER, J. A.; JOHNSTON, D. J.; et al. Genetic and phenotypic variance and covariance components for feed intake, feed efficiency, and other postweaning traits in Angus cattle. **Journal of animal science**, v. 79, n. 11, p. 2805–2811, 2001b.
- ASBIA. Associação brasileira de inseminação artificial. , 2011. Disponível em: <Disponível em:<<http://www.asbia.org.br/novo/upload/mercado/relatorio2011.pdf>>>. Acesso em: 13/1/2015.
- BASARAB, J. A.; PRICE, M. A.; AALHUS, J. L.; et al. Residual feed intake and body composition in young growing cattle. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 83, n. 2, p. 189–204, 2003.
- BERRY, D. P. Improving feed efficiency in cattle with residual feed intake. **Recent advances in animal nutrition**, p. 67–99, 2008.
- BERRY, D. P.; CROWLEY, J. J. Genetics of feed efficiency in dairy and beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 91, p. 1594–613, 2013.
- BERTAZZO, R. P.; FREITAS, R. T. F. DE; GONÇALVES, T. DE M.; et al. Parâmetros genéticos de longevidade e produtividade de fêmeas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 5, p. 1118–1127, 2004.

- BERTIPAGLIA, T. S.; CARREÑO, L. O. D.; MACHADO, C. H. C.; ANDRIGHETTO, C.; FONSECA, R. DA. Estimates of genetic parameters for visual scores and their correlation with production and reproductive traits in Brahman cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 41, n. 6, p. 1407–1411, 2012.
- BIFFANI, S.; MARTINS FILHO, R.; GIORGETTI, A.; BOZZI, R.; LIMA, F. DE A. M. Fatores ambientais e genéticos sobre o crescimento ao ano e ao sobreano de bovinos Nelore, criados no Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 28, n. 3, p. 468–473, 1999.
- BINDON, B. M.; JONES, N. M. Cattle supply, production systems and markets for Australian beef. **Animal Production Science**, v. 41, n. 7, p. 861–877, 2001.
- BISHOP, S. C. Phenotypic and genetic variation in body weight, food intake and energy utilisation in Hereford cattle I. Performance test results. **Livestock Production Science**, v. 30, n. 1–2, p. 1–18, 1992.
- BOLIGON, A. A.; ALBUQUERQUE, L. DE; MERCADANTE, M. E. Z.; LÔBO, R. B. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 12, p. 2320–2326, 2009.
- BOURDON, R. M.; BOURBON, R. M. **Understanding animal breeding**. Prentice Hall Englewood Cliffs, NJ, 1997.
- BULLOCK, K. D.; BERTRAND, J. K.; BENYSHEK, L. L. Genetic and environmental parameters for mature weight and other growth measures in Polled Hereford cattle. **Journal of animal science**, v. 71, n. 7, p. 1737–1741, 1993.
- CAMERON, N. D. Across species comparisons in selection for efficiency. **Proc. 6th World Cong. Gen. Appl. Livest. Prod., Armidale, Australia**, v. 25, p. 73–80, 1998.
- CARDOSO, F. F.; CARDELLINO, R. A.; CAMPOS, L. T. Calving season on growth of angus calves raised in the State of Rio Grande do Sul - Brazil and its implications on genetic improvement. **Ciência Rural**, v. 30, n. 6, p. 1047–1051, 2000.
- CARDOSO, F. F.; CARDELLINO, R. A.; CAMPOS, L. T. Componentes de (co) variância e parâmetros genéticos de caracteres pós-desmama em bovinos da raça Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 2, p. 313–319, 2004.
- CARSTENS, G. E.; THEIS, C. M.; WHITE, M. B.; et al. Relationships between net feed intake and ultrasound measures of carcass composition in growing beef steers. **Beef Cattle Research in Texas**, v. 2, p. 31–34, 2002.
- CARVALHO, F. A. N. **A saga do Simental no Brasil**. 1º ed. Curitiba: Mediograf, 1998.
- CHIZZOTTI, M. L.; PAULINO, P. V. R.; VALADARES FILHO, S. C. Possibilidades do uso da ultrasonografia pra estimação da composição corporal de bovinos. **45ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, Lavras. Anais, Sociedade Brasileira de Zootecnia. CD-ROM**, 2008.
- CORRÊA, M. B. B.; DIONELLO, N. J. L.; CARDOSO, F. F. Estimativa de parâmetros genéticos, componentes de (co) variância e tendências genéticas e fenotípicas para características produtivas pré-desmama em bovinos Devon no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, n. 3, p. 997–1004, 2006.
- CYRILLO, J.; ALENCAR, M. DE; RAZOOK, A. G.; MERCADANTE, M. E. Z.; FIGUEIREDO, L. DE. Modelagem e estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos para pesos do nascimento à seleção (378 dias) de machos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 6, p. 1405–1415, 2004.
- ELER, J. P. **Teorias e métodos em melhoramento genético animal**. FZEA/USP, 2008.
- ESTRADA-LEÓN, R. J.; MAGAÑA-MONFORTE, J. G.; SEGURA-CORREA, J. C. Estimation of genetic parameters for preweaning growth traits of Brahman cattle in Southeastern Mexico. **Tropical Animal Health and Production**, v. 46, n. 5, p. 771–776, 2014.
- FALCONER, D. S. **Introduction to Quantitative Genetics**. London, Longman Group Corp., 1981.

- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F.; FRANKHAM, R. Introduction to quantitative genetics (4th edn). **Trends in Genetics**, v. 12, n. 7, p. 280, 1996.
- FAO/WFP. Crop and food security assessment mission to Mozambique. **Special Report**, 2010. Disponível em: <<http://www.fao.org/docrep/012/ak350e/ak350e00.htm>>. Acesso em: 14/10/2015.
- FARIA, L. C.; QUEIROZ, S. A.; VOZZI, P. A.; et al. QUANTITATIVE GENETIC STUDY ON GROWTH TRAITS OF BRAHMAN CATTLE IN BRAZIL/Estudo genético quantitativo de características de crescimento de bovinos da raça Brahman no Brasil. **Ars Veterinaria**, v. 27, n. 1, p. 030–035, 2011.
- FELÍCIO, P. E. Raças e cruzamentos de bovinos 2. , 2010. Disponível em: <Disponível em: <http://www.sic.org.br/PDF/Racas_Bovinas.pdf>>. Acesso em: 13/10/2015.
- FERRAZ FILHO, P.B. **Análise e tendência genética de pesos em bovinos da raça Nelore mocha no Brasil**, 1996. Dissertação (Mestrado), Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista.
- FILHO, F.; PAULO BAHIANSE; RAMOS, A. DE A.; et al. Tendência Genética dos Efeitos Direto e Materno sobre os Pesos à Desmama e Pós-Desmama de Bovinos da Raça Tabapuã no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 31, n. 2, p. 635–640, 2002.
- GOMES, R. C.; SAINZ, R. D.; SILVA, S. L.; et al. Feedlot performance, feed efficiency reranking, carcass traits, body composition, energy requirements, meat quality and calpain system activity in Nellore steers with low and high residual feed intake. **Livestock Science**, v. 150, n. 1–3, p. 265–273, 2012.
- GUIDOLIN, D. G. F.; BUZANSKAS, M. E.; RAMOS, S. B.; et al. Genotype–environment interaction for post-weaning traits in Nellore beef cattle. **Animal production science**, v. 52, n. 11, p. 975–980, 2012.
- HEADY, H.F. **Rangeland Management**. USA: McGraw-Hill Book Company, 1975.
- HERD, R. M.; ARCHER, J. A.; ARTHUR, P. F. Reducing the cost of beef production through genetic improvement in residual feed intake: Opportunity and challenges to application. **J. Anim. Sci**, v. 81, n. Suppl 1, p. E9–E17, 2003.
- HERD, R. M.; HEGARTY, R. S.; DICKER, R. W.; ARCHER, J. A.; ARTHUR, P. F. Selection for residual feed intake improves feed conversion in steers on pasture. **Anim. Prod. Aust**, v. 24, p. 85–88, 2002.
- HERD, R. M.; RICHARDSON, E. C.; HEGARTY, R. S.; et al. Pasture intake by high versus low net feed efficient Angus cows. **Animal Production in Australia**, v. 22, p. 137–140, 1998.
- HOGG, B. W. Compensatory growth in ruminants. , 1991. Disponível em: <<http://agris.fao.org/agris-search/search.do?recordID=GB9128659>>. Acesso em: 1/2/2016.
- HOGG, R.; CRAIG, A. **Introduction to Mathematical Statistics**. 5 ed ed. New Jersey: Prentice Hall, 1995.
- IBGE., 2011. Disponível em: <Disponível em: <http://www.ibge.gov.br>>. Acesso em: 14/10/2015.
- INE. Estatísticas de Moçambique. , 2010. Maputo: Instituto Nacional de Estatísticas.
- KENNEDY, B. W.; VAN DER WERF, J. H.; MEUWISSEN, T. H. Genetic and statistical properties of residual feed intake. **Journal of Animal Science**, v. 71, n. 12, p. 3239–3250, 1993.
- KLEIBER, M. Problems involved in breeding for efficiency of food utilization. **AMERICAN SOCIETY ANIMAL PRODUCTION**, v. 29, p. 247–258, 1936.
- KOCH, R. M.; SWIGER, L. A.; CHAMBERS, D.; GREGORY, K. E. Efficiency of feed use in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 22, n. 2, p. 486–494, 1963.
- KOOTS, K. R.; GIBSON, J. P.; SMITH, C.; WILTON, J. W. Analyses of published genetic parameter estimates for beef production traits. 1. Heritability. **Animal Breeding Abstracts (United Kingdom)**, 1994. Disponível em: <<http://agris.fao.org/agris-search/search.do?recordID=GB9411018>>. Acesso em: 9/3/2015.
- LANNA, D. P. D.; CALEGARE, L.; ALMEIDA, R.; BERNDT, A. Conversão alimentar-Eficiência econômica de vacas de corte de raças puras e cruzadas. **SIMPÓSIO DE PECUÁRIA DE CORTE**, v. 3, p. 87–110, 2003.

- LIU, M. F.; GOONEWARDENE, L. A.; BAILEY, D. R. C.; et al. A study on the variation of feed efficiency in station tested beef bulls. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 80, n. 3, p. 435–441, 2000.
- LOBO, R. N. B. Seleção para eficiência produtiva de ovelhas para produção de carne. , 2010. Disponível em: <<http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/865825/1/MidiaSelecaoPara.pdf>>. Acesso em: 12/2/2016.
- LUCHIARI FILHO, A.; OTHERS. Produção de carne bovina no Brasil qualidade, quantidade ou ambas. **SIMPÓSIO SOBRE DESAFIOS E NOVAS TECNOLOGIAS NA BOVINOCULTURA DE CORTE-SIMBOI**, v. 2, 2006. Disponível em: <http://www.researchgate.net/profile/Luchiari_Albedo/publication/237404396_PRODUTO_DE_CARNE_BOVINA_NO_BRASIL_QUALIDADE_QUANTIDADE_OU_AMBAS/links/53fe13900cf23bb019bd700c.pdf>. Acesso em: 13/10/2015.
- MALHADO, C. H. M.; LÔBO, R. N. B.; MARTINS FILHO, R.; FACÓ, O.; AZEVEDO, D. M. M. R. Efeito da incorporação da covariância entre os efeitos direto e materno sobre a análise para a característica dias para ganhar 160 Kg. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, v. 41, n. 1, p. 14–19, 2004.
- MALHADO, C. H. M.; SOUZA, J. C.; SILVA, L. O. C.; FERRAZ FILHO, P. B. Correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente entre os pesos de várias idades em bovinos da raça Guzerá no estado de São Paulo. **Archives of Veterinary Science**, v. 7, n. 1, 2002. Disponível em: <<http://ojs.c3sl.ufpr.br/ojs/index.php/veterinary/article/viewArticle/3971>>. Acesso em: 14/10/2015.
- MARTINS, G. A.; MARTINS FILHO, R.; LIMA, F. DE A. M.; LÔBO, R. N. B. Influência de fatores genéticos e de meio sobre o crescimento de bovinos da raça Nelore no Estado do Maranhão. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 1, p. 103–107, 2000.
- MASCIOLI, A. DOS S.; EL FARO, L.; ALENCAR, M. M. DE; FRIES, L. A.; BARBOSA, P. F. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos e análise de componentes principais para características de crescimento na raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 6, p. 1654–1660, 2000.
- MERCADANTE, M. E. Z.; PACKER, I. U.; RAZOOK, A. G.; et al. Correlated responses to selection for yearling weight on reproductive performance of Nelore cows. Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France, August, 2002. Session 19. **Anais...** . p.1–4, 2002. Institut National de la Recherche Agronomique (INRA). Disponível em: <<http://www.iz.sp.gov.br/pdfs/1248458259.pdf>>. Acesso em: 1/2/2016.
- MERCADANTE, M. E. Z.; RAZOOK, A. G.; TROVO, J. B. F.; CYRILLO, J.; FIGUEIREDO, L. A. Parâmetros genéticos do peso no início da estação de monta, considerando indicativo do peso adulto de matrizes Nelore. **Rev. Bras. Zootec**, v. 33, p. 1135–1144, 2004.
- MEYER, K. **A program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood. User Notes**. 2011.
- MILLEN, D. D.; PACHECO, R. D. L.; MEYER, P. M.; RODRIGUES, P. H. M.; DE BENI ARRIGONI, M. Current outlook and future perspectives of beef production in Brazil. **Animal Frontiers**, v. 1, n. 2, p. 46–52, 2011.
- MOORE, S. S.; MUJIBI, F. D.; SHERMAN, E. L. Molecular basis for residual feed intake in beef cattle. **Journal of animal science**, v. 87, n. 14_suppl, p. E41–E47, 2009.
- MOSTERT, B. E.; GROENEVELD, E.; RUST, T.; VAN DER WESTHUIZEN, J. Multitrait variance component estimation of South African beef breeds for growth traits. Proc 6th World Congr Genet Appl Livest Prod. Armidale, NSW, Australia. **Anais...** . v. 23, p.145–148, 1998.
- NKRUMAH, J. D.; OKINE, E. K.; MATHISON, G. W.; et al. Relationships of feedlot feed efficiency, performance, and feeding behavior with metabolic rate, methane production, and energy partitioning in beef cattle. **Journal of animal science**, v. 84, n. 1, p. 145–153, 2006.

- OLIVEIRA, J.A.; LÔBO, R.B.; GONÇALVES, A.A.M. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicas de pesos e ganho em peso do nascimento aos 365 dias de idade em um rebanho da raça Guzerá. **Boletim de Indústria Animal**, p. 119–123, 1993. São Paulo.
- PARRA-BRACAMONTE, G. M.; MARTÍNEZ-GONZÁLEZ, J. C.; CIENFUEGOS-RIVAS, E. G.; GARCÍA-ESQUIVEL, F. J.; ORTEGA-RIVAS, E. Parámetros genéticos de variables de crecimiento de ganado Brahman de registro en México Genetic parameters for growth traits in registered Brahman cattle from Mexico. **Vet. Méx.**, v. 38, p. 2, 2007.
- PEDROSA, V. B. **Estimação dos parâmetros genéticos do peso adulto em matrizes da raça Nelore**, 7. dez. 2006. text, Universidade de São Paulo. Disponível em: <<http://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/74/74131/tde-29012007-153924/>>. Acesso em: 25/2/2015.
- PEIXOTO, A. Fatores que interferem no crescimento do gado de corte até a desmama. **Simpósio sobre pecuária de corte**, v. 3, p. 129–158, 1983.
- PEREIRA, M. C.; YOKOO, M.; BIGNARDI, A. B.; GALVÃO, L.; DE ALBUQUERQUE, J. C. S. Estimativas de parâmetros genéticos e de ambiente para altura à desmama em bovinos da raça Nelore. **SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL**, v. 5, 2004. Disponível em: <<http://www.sbmaonline.org.br/anais/v/trabalhos/pdfs/bc022.pdf>>. Acesso em: 14/10/2015.
- PEROTTO, D.; CUBAS, A. C.; ABRAHÃO, J. J. DOS S.; MELLA, S. C. Ganho de peso da desmama aos 12 meses e peso aos 12 meses de bovinos Nelore e cruzas com Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n. 3, p. 730–735, 2001.
- PICO, B. A.; NESER, F. W. C.; WYK, J. V. Genetic parameters for growth traits in South African Brahman cattle. **South African Journal of Animal Science**, v. 34, n. 6, p. 44–46, 2004.
- PIRCHNER, F.; HINRICHSSEN, J. K.; BUCKENAUER, D.; et al. **Population genetics in animal breeding**. Dairy Goat Journal Publishing Co., Scottsdale, AZ (EUA), 1983.
- PLASSE, D.; ARANGO, J.; FOSSI, H.; et al. Genetic and non-genetic trends for calf weights in a Bos indicus herd upgraded to pedigree Brahman. **Livestock Research for Rural Development**, v. 16, n. 7, p. 2004, 2004.
- PLASSE, D.; VERDE, O.; FOSSI, H.; et al. (Co) variance components, genetic parameters and annual trends for calf weights in a pedigree Brahman herd under selection for three decades. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 119, n. 3, p. 141–153, 2002.
- POLL, H.; KIST, B. B.; SANTOS, C. E.; et al. Pronto para ir além. **Anuário Brasileiro da pecuária**, 2013. Gazeta Santa Cruz, Santa Cruz do Sul/RS.
- RAZOOK, A. G.; FIGUEIREDO, L. A.; BONILHA NETO, L. M.; et al. Selection for yearling weight in Nelore and Guzerá zebu breeds: selection applied and response in 15 years of progeny. World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. **Anais...** v. 6, p.133–136, 1998.
- ROBINSON, D. L.; ODDY, V. H. Genetic parameters for feed efficiency, fatness, muscle area and feeding behaviour of feedlot finished beef cattle. **Livestock Production Science**, v. 90, n. 2, p. 255–270, 2004.
- R, R. D. C. T. A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. , 2013. Vienna, Austria. Disponível em: <Disponível em: < <http://www.R-project.org>>>. Acesso em: 25/9/2013.
- SAKAGUTI, E. S.; SILVA, M. A.; QUAAS, R. L.; et al. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã, por meio de análises de funções de covariâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 4, p. 864–874, 2003.
- DA SILVA, R. G.; LA SCALA JR, N.; POYAY, P. L. B. Transmissão de Radiação Ultravioleta Através do Pelame e da Epiderme de Bovinos1. **Rev. bras. zootec**, v. 30, n. 6, p. 1939–1947, 2001.

- SOUZA, J.; SILVA, L.; MALHADO, C.; OTHERS. Estudo das correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente entre os pesos de várias idades em bovinos da raça guzerá no estado de São Paulo. **REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA**, v. 38, p. 609–611, 2001.
- TAYLOR, C. S.; TURNER, H. G.; YOUNG, G. B. Genetic control of equilibrium maintenance efficiency in cattle. **Animal Production**, v. 33, n. 02, p. 179–194, 1981.
- VARGAS, G.; BUZANSKAS, M. E.; GUIDOLIN, D. G. F.; et al. Genetic parameter estimation for pre- and post-weaning traits in Brahman cattle in Brazil. **Tropical Animal Health and Production**, v. 46, n. 7, p. 1271–1278, 2014.
- VIEIRA, A.; LOBATO, J. F. P.; TORRES JUNIOR, R. DE A.; CEZAR, I. M.; CORREA, E. S. Fatores determinantes do desempenho reprodutivo de vacas Nelore na região dos cerrados do Brasil Central. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n. 6, p. 2408–2416, 2005.
- YOKOO, M. J.; LOBO, R. B.; ARAUJO, F. R. C.; et al. Genetic associations between carcass traits measured by real-time ultrasound and scrotal circumference and growth traits in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v. 88, n. 1, p. 52–58, 2010.
- ZUIN, R. G.; BUZANSKAS, M. E.; CAETANO, S. L.; et al. Genetic analysis on growth and carcass traits in Nelore cattle. **Meat Science**, v. 91, n. 3, p. 352–357, 2012.

CAPÍTULO 2 – ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE DESMAMA E PÓS – DESMAMA EM BOVINOS BRAHMAN

RESUMO – No melhoramento tem se utilizado o peso metabólico para a construção de novas características. O peso metabólico proporciona o melhor meio de comparação entre os animais com idades diferentes, visto que animais menores produzem mais calor e consomem mais alimentos por unidade de tamanho corporal do que animais maiores, pois a taxa metabólica basal varia. No entanto, se o peso metabólico não corrige para efeito de idade sobre o crescimento ponderal dos indivíduos? Neste estudo, propusemos estimar parâmetros genéticos para pesos ajustados a desmama (P205), ao 1 ano (P365) e sobreano (P550), peso metabólico ajustados a desmama (P_{Ma}205), ao 1 ano (P_{Ma}365) e sobreano (P_{Ma}550) e peso metabólico real a desmama (P_{Mr}205), ao 1 ano (P_{Mr}365) e sobreano (P_{Mr}550) para demonstrar as consequências do emprego do peso metabólico, sem qualquer correção para a idade, sobre a estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos. Análises genéticas foram realizadas em registros de animais do arquivo de dados com 36.505 animais pertencente à ABCZ (Associação Brasileira de Criadores de Zebu) sob dois modelos distintos. O modelo 1 incluiu o efeito genético aditivo direto e residual como aleatórios, além dos efeitos fixos do grupo de contemporâneos, definido pelas variáveis: fazenda de origem do animal junto ao criador, sexo, estação de nascimento, e o ano de nascimento, para características de P365, P550, P_{Ma}365, P_{Ma}550, P_{Mr}365 e P_{Mr}550. O modelo 2 incluiu, o efeito genético aditivo direto, materno, ambiente permanente materno e residual como aleatórios e os incluídos no modelo 1 (fixos) para características de P205, P_{Ma}205, P_{Mr}205. Para estimação de parâmetros genéticos foi utilizado o método de máxima verossimilhança restrita (REML) via software Wombat. A herdabilidade variou de 0,20 a 0,25 para P205 e P550; 0,16 a 0,20 para P_{Mr}205 e P_{Mr}550 e de 0,21 a 0,21 para P_{Ma}205 e P_{Ma}550 respectivamente. As correlações genéticas entre P205 com P_{Mr}205 e P205 com P_{Ma}205 são respectivamente 0,76 e 1. Para a correlação genética entre P550 e P_{Mr}550 e P550 com P_{Ma}550 foram 0,97 e 1. A correlação genética entre P205 e P550 foi 0,72, entre P_{Mr}205 e P_{Mr}550 foi 0,54 e para P_{Ma}205 e P_{Ma}550 foi de 0,71. As correlações genéticas entre P205 com P_{Ma}205 e P365 com P_{Ma}365 são respectivamente 1,00 e 1,00. O peso metabólico ajustado e peso a idade-padrão demonstram semelhanças entre estimativas de parâmetros genéticos, as herdabilidade e correlações genéticas não são a mesma característica quando se trabalha com o peso a idade padrão ou peso metabólico não ajustado.

Palavras - chave: componentes de variância, correlação genética, herdabilidade

CHAPTER 2 – ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS FOR WEANING CHARACTERISTICS AND POST WEANING IN BRAHMAN CATTLE

Abstract - Metabolic weight has been used in the improvement to build new features. Provides the best means of comparison between animals of different ages, seen that smaller animals produce more heat and consume more food per unit body size than larger animals because the basal metabolic rate varies. However, if the metabolic weight does not correct for growth effects on weight gain from individuals? In this study, proposed to estimate genetic parameters for weights adjusted weaning (W205) to one year (W365) and yearling (W550), metabolic weight adjusted weaning (AMW205) to one year (AMW365) and yearling (AMW550) and weight real metabolic weaning (RMW205) to one year (RMW365) and yearling (RMW550) to demonstrate the consequences of the metabolic weight value, without any correction for age on the estimation of variance components and prediction of genetic values. Genetic analyzes were conducted on animals records of the data file with 36,505 animals belonging to ABCZ (Brazilian Association of Zebu Breeders) in two different models. Model 1 included direct additive genetic effect and residual as random, besides the fixed effects of contemporary group, defined by variables: the animal farm origin with the creator, sex, birth season, and year of birth, for features of W365, W550, AMW365, AMW550, RMW365 and RMW550. Model 2 included the direct additive genetic effect, maternal, permanent maternal environment and residual as random and the included in the model 1 (fixed) for W205 features, AMW205, RMW205. To estimate genetic parameters the restricted maximum likelihood method (REML) has been used via Wombat software. The heritability ranges from 0.20 to 0.25 for W205 and W550; 0.16 to 0.20 for RMW205 and RMW550 from 0.21 to 0.21 for AMW205 and AMW550 respectively. Genetic correlations between W205 with RMW205 and W205 WITH AMW205 are respectively 0.76 and 1. For the genetic correlation between W550 and RMW550 and W550 with AMW550 were 0.97 and 1. The genetic correlation between W205 and W550 was 0.72, between RMW205 and RMW550 was 0.54 and for AMW205 and AMW550 was 0.71. Genetic correlations between W205 with AMW205 and W365 with AMW365 are respectively 1.00 and 1.00. Adjusted metabolic weight and the weight at standard age demonstrate similarities between estimates of genetic parameters, heritability and genetic correlations are not the same feature when working with the weight of the standard age or unadjusted metabolic weight.

Keywords: variance components, genetic correlation, heritability

1 INTRODUÇÃO

As principais fontes de informação das avaliações genéticas de gado de corte são os pesos corporais observados ao longo da vida dos animais. Com vista em padronizar as análises, os programas de melhoramento estabelecem determinadas idades às quais os pesos são ajustados antes de serem avaliados. Essas idades recebem denominação de idades-padrão e são adotadas segundo princípios biológicos ou meramente cronológicos (SAKAGUTI et al., 2003). Entretanto, a seleção para pesos padronizados tende a tornar o sistema de produção mais oneroso, uma vez que animais maiores tendem a comer proporcionalmente em maior quantidade, aumentando os custos com a alimentação do rebanho.

No sentido da diminuição de custos e por ser a categoria mais numerosa em um rebanho de ciclo completo, busca-se matrizes de tamanho médio, uma vez que essas consumirão menos alimento e não apresentarão problemas com partos distócicos. O ideal portanto, é que se tenha matrizes que demandem proporcionalmente menor energia de manutenção para um determinado peso adulto, ou seja, busca-se matrizes de menor peso metabólico possível. Embora, grande ênfase seja dada às matrizes, essa característica é importante para todas as outras categorias de animais dentro da propriedade, uma vez que animais com menor demanda de energia de manutenção devem comer proporcionalmente menos e contribuir para a diminuição de custos.

No melhoramento, alguns trabalhos (LOBO, 2010; BERTAZZO et al., 2004) tem utilizado o peso metabólico para a construção de novas características como a relação de desmama que é o total de peso das crias pelo peso metabólico. De acordo com os trabalhos, a divisão pelo peso metabólico pode corrigir para diferentes pesos das fêmeas (as quais podem apresentar diferentes idades).

De acordo com Heady (1975), o peso metabólico proporciona o melhor meio de comparação entre animais com idades diferentes, visto que animais menores produzem mais calor e consomem mais alimento por unidade de tamanho corporal do que animais maiores, pois a taxa metabólica basal varia. O peso vivo de um animal refere-se ao seu volume e é expresso em kg. Por outro lado, o peso metabólico relaciona-se com a massa corporal e tem em conta crescimento alométrico do animal, correspondendo ao peso vivo elevado à potência 0,75 ($PV^{0,75}$). As necessidades energéticas de um animal dependem muito mais do seu peso metabólico do que do seu peso vivo.

Sendo assim, seria possível pensar no peso metabólico como um critério de seleção e não simplesmente como um componente constituinte de outra característica. Entretanto, se o peso metabólico não corrige para os efeitos da idade sobre o crescimento ponderal dos indivíduos e portanto, a utilização do peso metabólico como critério de seleção demanda a correção prévia do peso para a idade. E após correção para a idade, o peso metabólico e o peso à diferentes idades são medidas proporcionais que possuem estrutura de variâncias e covariância proporcionais, produzirão os mesmos valores de herdabilidade e correlações genéticas próximas da unidade.

Portanto, utilizar pesos metabólicos corrigidos, pesos metabólicos não corrigidos e pesos corrigidos tem o mesmo efeito sob o ponto de vista de estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos aditivos e não deve contribuir para o progresso genético de animais que demandam menos energia de manutenção para um determinado peso. Entretanto, a utilização de pesos metabólicos não corrigidos previamente para as idades, podem gerar erros de grandes magnitudes na tomada de decisões estratégicas e seleção de reprodutores dentro de um programa de melhoramento.

Os objetivos deste estudo foram demonstrar as consequências do emprego do peso metabólico, sem qualquer correção para a idade, sobre a estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Descrição dos dados

Este estudo foi realizado com registros de animais o arquivo de dados de pesos com 36.505 bovinos da raça Brahman do programa de Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (Associação Brasileira dos Criadores de Zebu, ABCZ), provenientes dos estados de São Paulo, Minas Gerais, Rio de Janeiro, Espírito Santo, Distrito Federal, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Goiás, nascidos nos anos de 1996 a 2012. Os animais foram criados exclusivamente a pasto.

As idades-padrão foram escolhidas com base nos programas de melhoramento genético de raças zebuínas existentes no Brasil. Os fatores que foram aplicados foram aqueles referentes a idade do animal na pesagem mais próxima aos 205 dias (pesagem base). Para que o animal tenha seu peso calculado às idades padrão de 205, 365 ou 550 dias, foram necessário que pelo menos uma das pesagens consideradas para interpolação, esteja dentro das faixas de mais ou menos 50 dias: 205 dias (155 a 255 dias); 365 dias (315 a 415 dias) ; 550 dias (500 a 600 dias) . Os animais que não atenderam a este requisito, ficaram sem o cálculo naquela(s) idade(s)- padrão. Obteve-se os pesos corporais a idade – padrão de acordo com a fórmula:

$$PA = (PBf - PBi/Ds)*C + PBi$$

Em que PA é o peso corporal na idade padrão (kg), PBf é o peso corporal final (kg), PBi é o peso corporal inicial (kg), Ds é número de dias entre pesagens e C é ajuste em dias. O peso metabólico ajustado foi calculado com base do peso vivo ajustado elevado a 0,75 ($P^{0,75}$) e o peso metabólico não ajustado foi calculado com base do peso vivo bruto elevado a 0,75 ($P^{0,75}$).

2.2 Edição de dados

O banco de dados foi submetido a análise de consistência e, posteriormente, a um estudo sobre os efeitos ambientais para a formação dos grupos contemporâneos (GC). As duas etapas foram realizadas utilizando o software “R” (R, 2013). Os arquivos foram montados criando-se as seguintes características: pesos ajustados às idades padrão de 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias. Pesos metabólicos ajustados (pesos ajustados elevado a $0,75 - P^{0,75}$) de 205 (PMa205), 365 (PMa365) e 550 (PMa550) dias. Pesos metabólicos não ajustado (peso bruto elevado a $0,75 - P^{0,75}$) de 205 (PMr205), 365 (PMr365) e 550 (PMr550) dias. Durante a consistência dos dados, foram retirados dos arquivos animais com pai e mãe desconhecidos, animais com pesos ao nascer menor que 15 kg ou maior que 50 kg, grupos de contemporâneos com menos de três animais. Para este trabalho, foram considerados apenas os animais criados em pastagem. Os efeitos ambientais que influenciaram cada característica foram determinados com auxílio do método dos quadrados mínimos utilizando o software estatístico R-project (R, 2013). O grupo de contemporâneos (GC) foi definido pelas variáveis: a fazenda de origem do animal junto com o criador, sexo, estação de nascimento e o ano de nascimento. Um total de 1659 níveis de grupos de contemporâneos foram utilizados nas análises.

No arquivo de *pedigree*, foram incluídos até mais de três gerações de ancestrais e, após a consistência do arquivo de dados, as análises bicaracterísticas foram realizadas com número de animais no total de 47.781 animais, filhos de 2.984 touros e 17.930 vacas.

2.3 Estimativas de parâmetros genéticos

Para estimar os parâmetros genéticos, as análises uni e bicaracterísticas foram obtidas empregando a metodologia da máxima verossimilhança restrita (REML) por meio do software Wombat (MEYER, 2011). Em todas as análises foi considerado o modelo animal. Para definir o modelo mais adequado aos dados foi realizada a análise uni – característica para todas as características diferenciados apenas pelos efeitos aleatórios, considerando a adição de um ou outro efeito à genética materna, análises de ambiente permanente materno, ou ambos, e o modelo escolhido foi posteriormente utilizado nas análises bicaracterística. O critério de convergência para todas as análises foi de 10^{-9} .

Os três modelos diferentes estudados em análises uni – características foram como se segue:

Modelo 1 (M1): efeito direto e residual genéticos aditivos

Modelo 2 (M2): efeitos diretos, genéticos aditiva de ambiente permanente materno, e residual

Modelo 3 (M3): efeitos genéticos direto, materno genéticos, ambiente permanente materno, e residuais aditivos

O modelo estatístico completo (M3) é representado por:

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

Em que: y é o vetor de registros para cada media de peso corporal, β é o vetor de efeitos fixos (GC), a é o vetor de efeitos de animais genéticos aditivos direto, m é o vetor de efeitos genéticos maternos, pe é o vetor dos efeitos ambientais maternos permanente, e é o vetor de efeitos residuais aleatórios. X , Z , M e W são as matrizes de incidência associadas com os seus respectivos efeitos de y .

Os pressupostos para o modelo geral foram como se segue:

$$E(y) = X\beta$$

$$E(a) = 0, E(m) = 0, E(pe) = 0 \text{ e } E(e) = 0.$$

$$\text{var} \begin{bmatrix} a \\ m \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & Inv\sigma_{pe}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & Inb\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Em que: A = matriz de parentesco genético aditivo; I_{nv} e I_{nb} = matrizes identidade de dimensão número de mães (nv) e total de observações (nb); σ_a^2 = variância genética aditiva direta, σ_m^2 variância genética aditiva materna; σ_{pe}^2 = variância de ambiente permanente e σ_e^2 = variância residual.

Verificou-se o teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test - LRT*) entre os três modelos, a fim de testar se a inclusão de outros efeitos aleatórios foi significativa. O teste baseia-se na comparação de duas vezes a probabilidade de log ($-2\log L$), que segue distribuição do Qui-quadrado (χ^2), e o nível de significância de 5% com “n” graus de liberdade, que era o resultado da diferença entre os parâmetros estimados para cada modelo testado (HOGG; CRAIG, 1995). Depois da escolha do modelo para as características, uni e bicaracterísticas foram realizadas análises, e as herdabilidade e correlações genéticas, foram estimadas.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Comparação entre os quatro modelos propostos e estimativas de herdabilidades, e respectivos erros padrão para as características estão apresentados na (Tabela 1). As estatísticas descritivas para características pesos ajustados às idades padrão de 205 (P205), 365 (P365), 550 (P550) dias, pesos metabólicos ajustados (pesos ajustados elevado a $0,75 - P^{0,75}$) de 205 (PMa205), 365 (PMa365), 550 (PMa550) dias e pesos metabólicos não ajustado (peso bruto elevado a $0,75 - P^{0,75}$) de 205 (PMr205), 365 (PMr365) e 550 (PMr550) dias) são apresentado na (Tabela 2). As estimativas de componentes de (co)variâncias genéticas aditivas, residuais e herdabilidades, obtidas em análises bicaracterísticas, são apresentadas na (Tabela 3). Os resultados das estimativas das correlações encontram-se em (Tabela 4).

Tabela 1. Comparação entre os quatro modelos propostos para características pesos ajustados às idades padrão de 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias, pesos metabólicos ajustados (pesos ajustados elevado a 0,75 - $P^{0,75}$) de 205 (PMa205), 365 (PMa365), 550 (PMa550) dias e pesos metabólicos não ajustado (peso bruto elevado a 0,75 - $P^{0,75}$) de 205 (PMr205), 365 (PMr365) e 550 (PMr550) dias de bovinos de raça Brahman.

Características	Modelo	$h_a^2 \pm EP$	$h_m^2 \pm EP$	$c^2 \pm EP$	2xLogL	LRT			
						M2-M1	M3-M1	M4-M2	M4-M3
P205	M1	0,42±0,02			-78451,88	93,85 (ns)	86,76 (ns)	28,39 (ns)	35,48 (ns)
P205	M2	0,24±0,02		0,14±0,01	-78358,03				
P205	M3	0,22±0,02	0,12±0,01		-78365,12				
P205	M4	0,20±0,02	0,05±0,01	0,10±0,01	-78329,64				
P365	M1	0,20±0,03			-42064,03	0,59 (ns)	7,81 (ns)	7,81 (ns)	0 (ns)
P365	M2	0,19±0,03		0,02±0,02	-42063,44				
P365	M3	0,16±0,03	0,03±0,01		-42056,22				
P365	M4	0,16±0,03	0,03±0,01	0,00±0,02	-42056,22				
P550	M1	0,22±0,03			-55362,63	3,99 (ns)	5,07 (ns)	2,68 (ns)	1,6 (ns)
P550	M2	0,20±0,03		0,04±0,01	-55358,64				
P550	M3	0,18±0,03	0,03±0,01		-55357,56				
P550	M4	0,17±0,03	0,02±0,01	0,03±0,02	-55355,96				
PMa205	M1	0,43±0,02			-44256,64	95,14 (ns)	87,36 (ns)	28,1 (ns)	35,88 (ns)
PMa205	M2	0,25±0,02		0,14±0,01	-44161,51				
PMa205	M3	0,22±0,02	0,12±0,01		-44169,28				
PMa205	M4	0,21±0,02	0,05±0,01	0,11±0,01	-44133,41				
PMa365	M1	0,21±0,03			-24010,71	0,56 (ns)	8,05 (ns)	7,49 (ns)	0 (ns)
PMa365	M2	0,20±0,03		0,02±0,02	-24010,14				
PMa365	M3	0,16±0,03	0,03±0,01		-24002,65				
PMa365	M4	0,16±0,03	0,03±0,01	0,00±0,02	-24002,65				
PMa550	M1	0,23±0,03			-32214,42	3,93 (ns)	5,15 (ns)	2,73 (ns)	1,51 (ns)
PMa550	M2	0,20±0,03		0,04±0,01	-32210,49				
PMa550	M3	0,19±0,03	0,03±0,01		-32209,27				
PMa550	M4	0,18±0,03	0,02±0,01	0,03±0,02	-32207,76				
PMr205	M1	0,28±0,02			-55197,34	50,17 (ns)	32,43 (ns)	7,08 (ns)	24,82 (ns)
PMr205	M2	0,18±0,02		0,09±0,01	-55147,17				
PMr205	M3	0,17±0,02	0,06±0,01		-55164,91				
PMr205	M4	0,16±0,02	0,02±0,01	0,07±0,01	-55140,09				
PMr365	M1	0,13±0,02			-33367,77	2,07 (ns)	2,02 (ns)	0,99 (ns)	1,04 (ns)
PMr365	M2	0,11±0,02		0,02±0,01	-33365,71				
PMr365	M3	0,11±0,02	0,01±0,01		-33365,75				
PMr365	M4	0,10±0,02	0,01±0,01	0,02±0,01	-33364,71				
PMr550	M1	0,20±0,02			-48565,44	3,96 (ns)	6,92 (ns)	4,17 (ns)	1,21 (ns)
PMr550	M2	0,20±0,02		0,03±0,01	-48561,48				
PMr550	M3	0,15±0,02	0,03±0,01		-48558,52				
PMr550	M4	0,14±0,02	0,02±0,01	0,02±0,01	-48557,31				

σ_a^2 variância genética aditiva direta, σ_m^2 variância genética aditiva materna, σ_c^2 variância residual, σ_{pe}^2 variância materna de ambiente permanente, σ_p^2 variação fenotípica, M1 $\sigma_a^2 + \sigma_c^2$, M2 $\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_c^2$, M3 $\sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_c^2$, M4 $\sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_c^2$, h_a^2 estimativa de herdabilidade direta, h_m^2 estimativa de herdabilidade materna, c^2 proporção da variância de ambiente permanente materno a variância total, 2xLogL duas vezes o logaritmo da probabilidade, LRT teste da razão de verossimilhança, ns não significativamente diferente de zero ($LRT \geq X^2_{(5\%)}$), EP erro padrão

O teste de razão de verossimilhança não comprovou diferença significativa ($P > 0,05$) entre os quatro modelos estudados, embora evidenciaram a importância de se incluir os efeitos maternos (genético materno e ambiente permanente materno) nas análises para

características de crescimento. Por meio deste teste também foi possível notar que o modelo que incluiu efeito genético aditivo direto, genética aditiva materna, materna de ambiente permanente e residual (M4), foi o mais adequado para estimar os parâmetros genéticos das características de peso ajustado aos 205 (P205), peso metabólico ajustado aos 205 (PMa205) e meso metabólico real aos 205 (PMr205). Verificou-se que o (M4) apresentou-se com valor de $-2\log L$ menor que as demais modelos, mostrando que o modelo (M4) foi melhor para ajustar aquelas características aos 205 dias. As estimativas de parâmetros genéticos teve grande variações dependendo de qual efeito foi incluído no modelo para análises unicaracterísticas. Ao usar M1 para estimar h_a^2 para P205, PMa205 e PMr205, vemos que, quando comparados com os outros modelos, os valores foram extremamente elevados. Menor variação foi observado nas estimativas de herdabilidade direta para P365, P550, PMa365, PMa550, PMr365 e PMr550. Os valores observados neste trabalho decrescem de modelo (M1) para modelo (M4), indicando que pode estar havendo viés na estimativa da variância genética direta por efeitos maternos não contabilizados. Os modelos que incluíram efeitos genéticos maternos e de ambiente permanente explicaram melhor a variação do peso aos 205 dias. Assim escolhemos o modelo M4 para P205, PMa205 e PMr205 para realizar as análises bicaracterísticas e o modelo M1 para as demais características ao ano e sobreano. Herdabilidades altas observada nas estimativas com modelo M1, é porque o modelo M1 não levou em conta os efeitos ambientais permanentes genéticos, ou maternas. De cordo com Ferraz Filho (2002), a influência dos efeitos maternos sobre o desempenho da progênie é mais importante em idades precoces. Observou-se que os efeitos maternos diminuiu com aumento de idade dos animais e deixou de influenciar na idade adulta. Cyrillo et al. (2004) destacaram também que a inclusão do efeito de ambiente permanente materno no modelo, além do efeito genético direto, foi suficiente para ajustar a variação de ambos os efeitos maternos, em pesos de animais machos Nelore até 13 meses de idade.

Tabela 2 Número de animais, com grupos contemporâneos, média, desvio padrão, coeficiente de variação e valores mínimos e máximos para características pesos ajustados à idades padrão de 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias, pesos metabólicos ajustados (pesos ajustados elevado a 0,75 - $P^{0,75}$) de 205 (P_{Ma}205), 365 (P_{Ma}365), 550 (P_{Ma}550) dias e pesos metabólicos não ajustado (peso bruto elevado a 0,75 - $P^{0,75}$) de 205 (P_{Mr}205), 365 (P_{Mr}365) e 550 (P_{Mr}550) dias em bovinos Brahman

Características	Animais	GC	Min	Max	Média	DP	CV(%)
P205	22865	1659	129,14	347,39	198,03	27,46	13,87
P365	11930	1344	208,07	459,73	273,79	38,84	14,19
P550	14398	1252	243,1	578,32	342,2	54,67	15,98
P _{Ma} 205	22866	1659	38,31	80,47	52,7	5,47	10,38
P _{Ma} 365	11930	1344	54,78	99,28	67,19	7,04	10,48
P _{Ma} 550	14398	1252	61,57	117,93	79,38	9,4	11,84
P _{Mr} 205	26613	1832	43,08	78,83	53,16	6,32	11,89
P _{Mr} 365	16426	1635	59,25	93,11	67,33	6,52	9,68
P _{Mr} 550	20683	1616	64,94	113,26	78,09	9,43	12,08

GC grupos contemporâneos, *Min* valores mínimos para peso corporal ajustado, peso metabólico ajustado e peso metabólico não ajustado, *Max* valores máximos para peso corporal ajustado, peso metabólico ajustado e peso metabólico não ajustado, *DP* desvio padrão, *CV%* coeficiente de variação

Houve diminuição considerável no número de animais avaliados para as características da idade jovem ao adulto (Tabela 2). Esse fato pode ter acontecido devido ao abate, a mortalidade ou venda dos animais que não foram incluídos nas idades posteriores. As diferenças de médias fenotípicas no número de animais avaliados para cada característica foram observados em estudos anteriores com animais zebuínos (GUIDOLIN et al., 2012) características peso na desmama e pós-desmame para Nelore; (ZUIN et al., 2012) para características de carcaça e crescimento em bovinos da raça Nelore e foram associados principalmente com variação no número de animais devido à edição de dados (por exemplo, durante a formação de GC, ajuste dos pesos). As diferenças de médias fenotípicas avaliados para características estudadas foram ligeiramente altos do que os obtidos por Vargas et al. (2014), que trabalharam com a raça Brahman no Brasil para características P210, P365 e P550. Além disso, a média P205 próxima de valores reportados para bovinos Brahman nas regiões tropicais do México, Venezuela e África do Sul (PICO et al., 2004; PLASSE et al., 2004; PARRA-BRACAMONTE et al., 2007; ESTRADA-LEÓN et al., 2014). Embora os estudos citados tenham sido realizados sob condições tropicais para a mesma raça, as diferenças entre as estimativas podem ser devido as diferenças de banco de dados atribuídos a diferenças de população estudadas. Para a raça Brahman, vale ressaltar que são escassas na literatura consultada,

informações referentes à estimativas de parâmetros genéticos e médias observadas para as mais diversas características de peso metabólico ajustado aos P205, P365, P550 e peso metabólico não ajustado aos PMr205, PMr365, PMr550 sobretudo no Brasil onde a raça foi introduzida recentemente em 1996.

Tabela 3 Estimativas médias da variância genética aditiva direta (σ_a^2) e materna (σ_m^2), variância de ambiente permanente materno (σ_{pe}^2), variância residual (σ_e^2), herdabilidade direta (h_a^2), herdabilidade materna (h_m^2) e herdabilidade de ambiente permanente materno (h_{pe}^2) das análises bicaracterísticas para o peso corporal ajustado peso metabólico ajustado e peso metabólico calculado com base no peso bruto em bovinos Brahman

Características	σ_a^2	σ_m^2	σ_{pe}^2	σ_e^2	h_a^2	h_m^2	h_{pe}^2
P205	115,44	29,61	58,42	361,34	0,20 ± 0,02	0,05 ± 0,01	0,10 ± 0,01
P365	188,56			712,47	0,21 ± 0,02		
P550	383,45			1166,8	0,25 ± 0,02		
PMa205	4,64	1,19	2,35	14,29	0,21 ± 0,02	0,05 ± 0,01	0,11 ± 0,01
PMa365	6,49			23,49	0,22 ± 0,03		
PMa550	11,57			34,26	0,25 ± 0,02		
PMr205	4,52	0,64	2,11	21,67	0,16 ± 0,02	0,02 ± 0,01	0,07 ± 0,01
PMr365	4,04			24,73	0,14 ± 0,02		
PMr550	11			43,8	0,20 ± 0,02		

Peso a idades-padrão aos 205 dias (P205); Peso a idades-padrão aos 365 dias (P365); peso a idades-padrão aos 550 dias (P550); peso metabólico calculado com base no peso bruto aos 205 dias ($P205^{0,75}$); peso metabólico calculado com base no peso bruto aos 365 dias ($P365^{0,75}$); peso metabólico calculado com base no peso bruto aos 550 dias ($P550^{0,75}$).

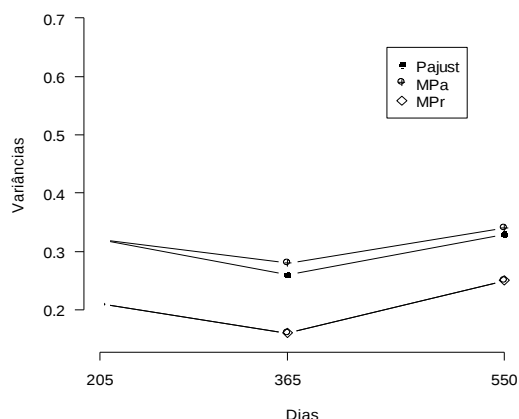


Figura 1 - Relação das estimativas de variância genética aditiva e variância residual de pesos a idades padrão (P205, P365, P550 dias), e respectivos pesos metabólicos ajustados (PMa205, PMa365, PMa550 dias), pesos metabólicos não ajustados (PMr205, PMr365, PMr550 dias) das análises bicaracterísticas.

As herdabilidades para as características de peso metabólicos não ajustado a diferentes idades estão, de modo geral, distintas em relação aquelas para os pesos ajustados e pesos metabólico ajustados (Tabela 3). A diferença das herdabilidades é devido ao incremento proporcional no valor da variância residual dos pesos metabólicos não-ajustados em relação aos pesos ajustados e pesos metabólicos ajustados. Essa situação fica melhor ilustrada na Figura 1, em que as razões entre as variâncias genéticas aditivas e residuais são demonstradas para cada idade-padrão. Nota-se que as razões calculadas a partir dos pesos metabólicos são sempre menores que aquelas dos pesos a idade-padrão. Esses resultados indicam que os pesos metabólicos não estão sendo completamente corrigidos para os efeitos de idade, os quais estão criando variabilidade de ambiente adicional. Consequentemente, as variância genéticas aditivas dos pesos metabólicos tem seus valores diminuídos em relação aos pesos corrigidos, uma vez que a variância residual passa a explicar grande parte da variabilidade fenotípica. Uma forma de comparar isoladamente as reduções da variância genética aditiva e os incrementos da variância residual dos pesos metabólicos em relação aos pesos corrigidos é se calcular, para cada idade, uma razão entre a variância de interesse e a média da característica.

Notar-se-á que as variâncias residuais e as variâncias genéticas aditivas para o peso metabólico estão aumentadas e diminuídas respectivamente em relação às razões dos pesos corrigidos.

Os valores encontrados no presente trabalho (Tabela 3), indicam-nos efetivamente que o peso metabólico não está ajustando os pesos para efeitos de idade do animal, mas sim é uma forma diferente de expressar o peso vivo do animal em pesos metabólicos. Portanto, o efeito da idade está causando o incremento da variância residual, consequentemente o efeito de idade não está sendo corrigido simplesmente por estar a elevar pesos a 0,75.

Tabela 4 Estimativas de correlações genéticas (acima da diagonal) e correlações de ambiente (abaixo da diagonal) para características de pesos a idades-padrão e pesos metabólicos calculado com base nos pesos brutos em bovinos Brahman

	P205	P365	P550	PMa205	PMa365	PMa550	PMr205	PMr365	PMr550
P205	*	0,55 ± 0,08	0,72 ± 0,06	1,00 ± 0,00	0,55 ± 0,08	0,72 ± 0,05	0,76 ± 0,04	0,49 ± 0,09	0,71 ± 0,06
P365	0,43 ± 0,02	*	0,92 ± 0,03	0,56 ± 0,08	1,00 ± 0,00	0,92 ± 0,03	0,57 ± 0,08	0,90 ± 0,03	0,84 ± 0,05
P550	0,39 ± 0,02	0,55 ± 0,01	*	0,72 ± 0,06	0,92 ± 0,03	1,00 ± 0,00	0,68 ± 0,07	0,92 ± 0,03	0,97 ± 0,01
PMa205	1,00 ± 0,00	0,44 ± 0,02	0,39 ± 0,02	*	0,55 ± 0,08	0,72 ± 0,06	0,76 ± 0,04	0,49 ± 0,09	0,71 ± 0,06
PMa365	0,43 ± 0,02	1,00 ± 0,00	0,55 ± 0,01	0,44 ± 0,02	*	0,92 ± 0,03	0,56 ± 0,08	0,89 ± 0,03	0,84 ± 0,05
PMa550	0,39 ± 0,02	0,55 ± 0,01	1,00 ± 0,00	0,39 ± 0,02	0,55 ± 0,01	*	0,68 ± 0,07	0,92 ± 0,03	0,97 ± 0,01
PMr205	0,68 ± 0,01	0,37 ± 0,02	0,31 ± 0,02	0,68 ± 0,01	0,37 ± 0,02	0,32 ± 0,02	*	0,40 ± 0,10	0,54 ± 0,08
PMr365	0,37 ± 0,02	0,85 ± 0,01	0,51 ± 0,01	0,38 ± 0,02	0,85 ± 0,01	0,51 ± 0,01	0,27 ± 0,01	*	0,79 ± 0,05
PMr550	0,29 ± 0,02	0,40 ± 0,01	0,95 ± 0,00	0,29 ± 0,02	0,40 ± 0,02	0,95 ± 0,00	0,22 ± 0,01	0,42 ± 0,01	*

Peso a idades-padrão aos 205 dias (P205); Peso a idades-padrão aos 365 dias (P365); peso a idades-padrão aos 550 dias (P550); peso metabólico calculado com base no peso bruto aos 205 dias (P205^{0,75}); peso metabólico calculado com base no peso bruto aos 365 dias (P365^{0,75}); peso metabólico calculado com base no peso bruto aos 550 dias (P550^{0,75}).

Se os pesos metabólicos houvessem sido completamente corrigidos para a idade antes de serem calculados, as correlações genéticas e ambientais esperadas entre pesos corrigidos a determinada idade e pesos metabólicos corrigidos naquela idade deveriam ser próximas a unidade (Tabela 4). Da mesma forma, as correlações genéticas e de ambiente entre pesos corrigidos em diferentes idades deveriam ter valores semelhantes (mas não igual a um) quando calculadas com os pesos metabólicos não ajustados a diferentes idades. A tabela 4 mostra que distorções ocorreram nos resultados esperados das correlações quando os pesos metabólicos não foram corrigidos para idade. Por exemplo, as correlações genéticas entre P205 com PMr205 e P365 com PMr365 são respectivamente 0,76 e 0,87, as correlações genéticas entre P205 com PMa205 e P365 com PMa365 são respectivamente 1,00 e 1,00. Para a correlação genética entre P550 e PMr550 a correlação foi próxima da unidade, e a correlação genética entre P550 e

P_{Ma}550 foi de 1,00 . A correlação genética entre P₂₀₅ e P₃₆₅ foi 0,55, enquanto aquela entre P_{Mr}205 e P_{Mr}365 foi 0,4, para P_{Ma}205 e P_{Ma}365 foi de 0,55. Um padrão de diminuição das correlações genéticas aditiva é observado para as outras combinações de pesos à idades-padrão (Tabela 4).

A correlação genética é uma medida do grau de associação entre os valores genéticos aditivos dos indivíduos em relação a suas características. Quando o peso metabólico não é corrigido para a idade, o efeito de ambiente passa a ter maior influência na determinação do fenótipo e dificulta a separação do componente genético aditivo do componente ambiental, produzindo predições de valor genético menos precisas e diminuindo as correlações genéticas entre as características de peso à idades-padrão e pesos metabólicos.

As correlações ambientais estimadas entre peso à desmama e pesos aos 12 e 18 meses de idade foram, em média, de 0,43 e 0,39. As estimativas de correlação ambiental de P₂₀₅ com P₃₆₅ e P₅₅₀ foram semelhantes às descritas por Malhado et al. (2002) 0,39 e 0,35, Souza et al., (2001) 0,44 e 0,39, respectivamente, e inferiores às de Ferraz Filho, (1996), de 0,61 e 0,51, na mesma ordem. A variação sazonal da disponibilidade de forragem pode ser um dos fatores que contribuiu para essas correlações de média magnitude. Porém, correlações positivas indicam que os efeitos genéticos não aditivos ao peso à desmama também contribuem para maiores pesos aos 12 e aos 18 meses de idade.

4 CONCLUSÕES

O peso metabólico ajustado e peso a idade-padrão demonstram semelhanças entre estimativas de parâmetros genéticos, as herdabilidade e correlações genéticas não são a mesma característica quando se trabalha com o peso a idade padrão ou peso metabólico não ajustado.

REFERÊNCIAS

- BERTAZZO, R. P.; FREITAS, R. T. F. DE; GONÇALVES, T. DE M.; PEREIRA, I. G.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B.; OLIVEIRA, A. I.; Andrade, I. F. Parâmetros genéticos de longevidade e produtividade de fêmeas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 5, p. 1118–1127, 2004.
- CYRILLO, J.; ALENCAR, M. DE; RAZOOK, A. G.; MERCADANTE, M. E. Z.; FIGUEIREDO, L. DE. Modelagem e estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos para pesos do nascimento à seleção (378 dias) de machos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 6, p. 1405–1415, 2004.
- ESTRADA-LEÓN, R. J.; MAGAÑA-MONFORTE, J. G.; SEGURA-CORREA, J. C. Estimation of genetic parameters for preweaning growth traits of Brahman cattle in Southeastern Mexico. **Tropical Animal Health and Production**, v. 46, n. 5, p. 771–776, 2014.
- FERRAZ FILHO, P.B. **Análise e tendência genética de pesos em bovinos da raça Nelore mocha no Brasil**, 1996. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.
- GUIDOLIN, D. G. F.; BUZANSKAS, M. E.; RAMOS, S. B.; VENTURINI, G. C.; LÔBO, R. B.; PAZ, C. C. P.; MUNARI, D. P.; OLIVEIRA, J. A. Genotype–environment interaction for post-weaning traits in Nelore beef cattle. **Animal production science**, v. 52, n. 11, p. 975–980, 2012.
- HEADY, H.F. **Rangeland management**. USA: McGraw-Hill Book Company, 1975.
- HOGG, R.; CRAIG, A. **Introduction to mathematical statistics**. 5. ed. New Jersey: Prentice Hall, 1995.
- LOBO, R. N. B. **Seleção para eficiência produtiva de ovelhas para produção de carne**. 2010. Disponível em: <<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/865825/1/MidiaSelecaoPara.pdf>>. Acesso em: 12 fev. 2016.
- MALHADO, C. H. M.; SOUZA, J. C.; SILVA, L. O. C.; FERRAZ FILHO, P. B. Correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente entre os pesos de várias idades em bovinos da raça Guzerá no estado de São Paulo. **Archives of Veterinary Science**, v. 7, n. 1, 2002. Disponível em: <<http://ojs.c3sl.ufpr.br/ojs/index.php/veterinary/article/viewArticle/3971>>. Acesso em: 14 out. 2015.
- MERCADANTE, M. E. Z.; PACKER, I. U.; RAZOOK, A. G.; CYRILLO, J. N. S. J.; FIGUEIREDO, L.A.; OTHERS. Correlated responses to selection for yearling weight on reproductive performance of Nelore cows. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier, France, 2002. Session 19. **Proceedings...** [S.l.]: Institut National de la Recherche Agronomique (INRA), 2002. p.1–4. Disponível em: <<http://www.iz.sp.gov.br/pdfs/1248458259.pdf>>. Acesso em: 1 fev. 2016.
- MEYER, K. **A program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood**: user notes. [S.l.], 2011.
- PARRA-BRACAMONTE, G. M.; MARTÍNEZ-GONZÁLEZ, J. C.; CIENFUEGOS-RIVAS, E. G.; GARCÍA-ESQUIVEL, F. J.; ORTEGA-RIVAS, E. Parâmetros genéticos de variables de crecimiento de ganado Brahman de registro en México Genetic parameters for growth traits in registered Brahman cattle from Mexico. **Vet. Méx**, v. 38, p. 2, 2007.
- PEIXOTO, A. Fatores que interferem no crescimento do gado de corte até a desmama. **Simpósio sobre pecuária de corte**, v. 3, p. 129–158, 1983.

PICO, B. A.; NESER, F. W. C.; WYK, J. V. Genetic parameters for growth traits in South African Brahman cattle. **South African Journal of Animal Science**, v. 34, n. 6, p. 44–46, 2004.

PLASSE, D.; ARANGO, J.; FOSSI, H.; CAMARIPANO, L.; LLAMOZAS, G.; PIERRE, A.; ROMERO, R. Genetic and non-genetic trends for calf weights in a *Bos indicus* herd upgraded to pedigree Brahman. **Livestock Research for Rural Development**, v. 16, n. 7, p. 2004, 2004.

R, R. D. C. T. **A language and environment for statistical computing**: R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria: [s.n.], 2013. Disponível em: <<http://www.R-project.org>>. Acesso em: 25 set. 2013.

SOUZA, J.; SILVA, L.; MALHADO, C.; OTHERS. Estudo das correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente entre os pesos de várias idades em bovinos da raça guzerá no estado de São Paulo.

Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, v. 38, p. 609–611, 2001.

VARGAS, G.; BUZANSKAS, M. E.; GUIDOLIN, D. G. F.; GROSSI, D. A.; BONIFÁCIO, A.; LÔBO, R. B.; FONSECA, R.; OLIVEIRA, J. A.; MUNARI, D. P. Genetic parameter estimation for pre- and post-weaning traits in Brahman cattle in Brazil. **Tropical Animal Health and Production**, v. 46, n. 7, p. 1271–1278, 2014.

ZUIN, R. G.; BUZANSKAS, M. E.; CAETANO, S. L.; VENTURINI, G. C.; GUIDOLIN, D. G. F.; GROSSI, D. A.; CHUD, T. C. S.; PAZ, C. C. P.; LÔBO, R. B.; MUNARI, D. P. Genetic analysis on growth and carcass traits in Nelore cattle. **Meat Science**, v. 91, n. 3, p. 352–357, 2012.

CAPITULO 3 – ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS PONDERAIS E ÍNDICE DE KLEIBER EM UMA POPULAÇÃO DE BOVINOS DA RAÇA BRAHMAN

RESUMO – Interesse em melhorar a eficiência alimentar em bovinos está se intensificando. O Consumo alimentar residual (CAR), que é a diferença entre o consumo esperado e que previsto com base na demanda de energia, agora é a medida mais comumente utilizada de eficiência alimentar durante um determinado período de tempo. No entanto, a coleta de informações são muito caras para essa característica e só podem ser feitas em pequenas quantidades de animais. O índice de kleiber (IK) também tem sido proposto como uma medida da eficiência alimentar e não demanda a mensuração do consumo. É definido como ganho de peso médio diário dividido por peso vivo metabólico. Neste estudo, propusemos estimar parâmetros genéticos para o índice de kleiber (IK), ganho de peso médio diário (GPD) e peso ajustado (P) para entendimento mais abrangente das potenciais respostas à seleção e para subsidiar a elaboração de estratégias de melhoramento da raça. Análises genéticas foram realizadas em registros de animais do arquivo de dados com 36.505 animais pertencente à ABCZ (Associação Brasileira de Criadores de Zebu) sob dois modelos distintos. O modelo 1 incluiu o efeito genético aditivo direto e residual como aleatórios, além dos efeitos fixos do grupo de contemporâneos, definido pelas variáveis: fazenda de origem do animal junto ao criador, sexo, estação de nascimento e o ano de nascimento, para características pesos ajustados para idades padrão de 365 (P365); 550 (P550) dias, ganho de peso dos 205 aos 365 dias de idade (GP205365); ganho de peso dos 365 aos 550 dias de idade (GP365550); índice de Kleiber aos 365 dias (IK365) e índice de Kleiber aos 550 dias (IK550). O modelo 2 incluiu, o efeito genético aditivo direto, materno, ambiente permanente materno e residual como aleatórios e os incluídos no modelo 1 (fixos) para características pesos ajustados para idades padrão de 205 (P205), ganho de peso médio diário de nascimento a desmama (GPN205) e índice de kleiber a desmama (IK205) dias. Para estimação de parâmetros genéticos foi utilizado o método de máxima verossimilhança restrita (REML) via software Wombat. A herdabilidade variou de $0,24 \pm 0,02$ a $0,22 \pm 0,02$ para pesos ajustados, $0,26 \pm 0,06$ a $0,12 \pm 0,03$ para IK e $0,22$ a $0,15$ para GPD respectivamente. As correlações entre IK 205 e K550, IK365 e IK550, IK205 e IK365, IK205 e GPN205, IK205 e GP365550, IK365 e GP205365, IK550 e GP365550, IK205 e P205, IK550 e P550 foram 0,55, 0,09, -0,06, 0,98, 0,67, 0,95, 0,98, 0,96, 0,99 e 0,63 respectivamente. O Índice de Kleiber apresenta vantagens de ser utilizado como critério de seleção nos programas de melhoramento genético devido à sua herdabilidade magnitudes moderada e alta correlação genética com as característica de ganho de peso são suficientes para indicar que há variabilidade genética aditiva, e estas características são passíveis de seleção.

Palavras - chave: correlação genética, herdabilidade, ganho de peso médio diário, peso a idade-padrão

CHAPTER 3 - ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS OF WEIGHT FEATURES AND KLEIBER INDEX IN A CATTLE POPULATION OF BRAHMAN RACE

Abstract - interest in improving feed efficiency in cattle is intensifying. The residual feed intake (RFI), which is the difference between the expected consumption and predicted based on the energy demand, is now the most commonly used measure of feed efficiency over a given period of time. However, collecting information is very expensive for this feature and can only be made in small numbers of animals. Kleiber index (KI) has also been proposed as a measure of feed efficiency and does not require the measurement of the consumption. It is defined as average daily weight gained divided by metabolic live weight. In this study, Kleiber index (KI) has also been proposed to estimate genetic parameters, average daily weight gained (ADWG) and adjusted weight, for more comprehensive understanding of potential responses to selection and to support the development of the breed improvement strategies. Genetic analyzes were conducted on animals records from data file with 36,505 animals belonging to ABCZ (Brazilian Association of Zebu Breeders) in two different models. Model 1 included the direct additive genetic effect and residual as random, besides fixed effects of contemporary group, defined by the variables: the origin of the animal farm with the creator, sex, birth season and year of birth, to weight characteristics adjusted to standard ages of 365 (W365); 550 (W550) days weight gain of 205 to 365 days of age (WG205365); weight gain of 365 to 550 days (WG365550); Kleiber index at 365 days (KI365) and Kleiber index to 550 days (KI550). Model 2 included the direct additive genetic effect, maternal, maternal permanent environment and residual as random and the included in the model 1 (fixed) standing to weight characteristics adjusted for standard ages 205 days (W205), average daily gained weight from birth to weaning (GWB205) and index Kleiber at weaning (KI205) days. To estimate genetic parameters were used the restricted maximum likelihood method (REML) through Wombat software. Heritability varied from 0.24 $\pm$ 0.02 to 0.22 $\pm$ 0.02 for adjusted weights 0.26 $\pm$ 0.06 to 0.12 $\pm$ 0.03 and KI to 0.22 to 0.15 ADWG, respectively. Correlations between KI 205 and KI550, KI365 and KI550, KI205 and KI365, KI205 and GWB205, KI205 and WG365550, KI365 and WG205365, KI550 and WG365550, KI205 and W205, KI550 and W550 were 0.55, 0.09, -0.06, 0.98, 0.67, 0.95, 0.98, 0.96, 0.99 and 0.63 respectively. Kleiber Index has advantages of being used as selection criteria in genetic improvement programs due to their heritability of moderate magnitude and high genetic correlation with weight gain characteristics are sufficient to indicate that there is additive genetic variability, and these characteristics are likely for selection.

Keywords: genetic correlation, heritability, average daily gain, weight at standard age

1 INTRODUÇÃO

No Brasil a raça Brahman tem sido utilizada para a realização de cruzamento industrial com diversas raças bovinas de corte existentes, devido, principalmente, a características relacionadas a precocidade e fertilidade (ACBB, 2012). Verificou - se aumento de 630 para 17.823 animais registrados entre os anos de 2000 e 2009, notando-se interesse crescente por parte dos produtores por essa raça (ABCZ, 2010), atualmente, cerca de 7,5% do sêmen zebuino comercializado é da raça Brahman, o que coloca esta raça em segundo lugar no mercado de sêmen do gado zebuino, logo abaixo da raça Nelore. Existe a necessidade de otimização da produção para atender a demanda e para tornar a bovinocultura cada vez mais competitiva, com melhoras na eficiência dos sistemas de produção.

Na área de genética, grande parte dos programas de melhoramento genético para bovinos de corte enfatiza a seleção para aprimoramento de “outputs” ou produção, levando em conta características tais como pesos em diversas idades, ganho de peso diário, características de carcaça e dados reprodutivos. No entanto, resultados recentes de estudos de eficiência em bovinos deixam claro a necessidade de enfatizar a redução de “inputs”, principalmente no que se refere à alimentação a fim de aumentar a eficiência e maximizar a lucratividade do sistema de produção como um todo.

O fornecimento de alimentos representa o “input” de maior custo em todo sistema de produção animal, inclusive em bovinos de corte (ARCHER et al., 1999), e uma possível maneira de reduzir gastos é por mais aumento da eficiência alimentar dos animais por seleção e uso de reprodutores geneticamente superiores para esta característica. Além da representatividade econômica, o uso de animais mais eficientes pode desempenhar importante papel na redução do impacto ambiental, uma vez que as áreas de pastagens necessárias para pecuária podem ser reduzidas e a produção de resíduos como esterco e metano diminui com o melhor aproveitamento da dieta (BASARAB et al., 2003).

Dentre as propostas que surgiram ao longo dos anos para avaliação da eficiência alimentar de animais, o consumo alimentar/consumo alimentar residual tem sido utilizado como característica indicadora em bovinos de corte principalmente por não estar diretamente correlacionados com a taxa de ganho e o peso vivo (KOCH et al., 1963). Entretanto, enquanto investigava o metabolismo energético, Kleiber (1936) descreveu mais um índice de eficiência alimentar, denominado Índice de Kleiber (IK), o qual não

necessita de mensuração individual de consumo e tem sido utilizado para identificar animais com alta eficiência de crescimento relativo ao tamanho corporal. A maioria dos índices de eficiência alimentar tem a desvantagem de ser medida a partir do consumo individual dos animais, com exceção do IK, tornando os custos mais altos na identificação dos animais superiores para essa característica (ROBINSON, ODDY, 2004).

A maioria dos estudos sobre IK incluindo tanto peso metabólico ($P^{0,75}$) e ganho de peso vivo médio diário (GMD) são considerados como indicadores de eficiência de energia (KLEIBER., 1936; Herd e Bishop, 2000; Arthur et al., 2001; Crowley et al., 2010). O IK calculado pelo GMD por unidade de $PV^{0,75}$: $IK = GPD/PV^{0,75}$. Para a interpretação do índice, valores altos indicam maior diluição das exigências de manutenção, ou seja, maior é o crescimento corporal obtido sem aumento do custo da energia de manutenção (ARCHER et al., 1999). Assim, IK pode ser um bom indicador de eficiência alimentar, uma vez que o ganho de peso diário aumenta em detrimento do aumento do peso vivo metabólico, conseqüentemente maior crescimento corporal é obtido sem aumento do custo da energia de manutenção.

Para bovinos de corte, particularmente da raça Brahman, IK e possíveis consequências biológicas da seleção para essa característica ainda são escassas. Nesse contexto, objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos para ganhos de peso médio diário, índice de Kleiber e as características de pesos para um entendimento mais abrangente das potenciais respostas à seleção e para subsidiar a elaboração de estratégias de melhoramento da raça.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Descrição de dados

Este estudo foi realizado com os registros de animais do arquivo de dados de pesos de 36.505 bovinos da raça Brahman do programa de Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (Associação Brasileira dos Criadores de Zebu, ABCZ), provenientes dos estados de São Paulo, Minas Gerais, Rio de Janeiro, Espírito Santo, Distrito Federal, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Goiás, nascidos nos anos de 1996 a 2012. Os animais analisados foram criados exclusivamente a pasto.

As características analisadas foram: peso aos 205 dias (P205), peso aos 365 dias (P365), peso aos 550 dias (P550), peso metabólico aos 205 dias ($P205^{0,75}$), peso metabólico aos 365 dias ($P365^{0,75}$), peso metabólico aos 550 dias ($P550^{0,75}$), índice de Kleiber aos 205 dias (IK205), índice de Kleiber aos 365 dias (IK365), índice de Kleiber aos 550 dias (IK550), ganho de peso do nascimento aos 205 dias de idade (GPN205), ganho de peso dos 205 aos 365 dias de idade (GP205365) e ganho de peso dos 365 aos 550 dias de idade (GP365550).

Foram calculadas estatísticas descritivas das características estudadas para os registros do banco de dados original e do banco de análise utilizado após todos os procedimentos de filtragem de dados. As estimativas de médias, valores mínimos e máximos, desvios padrão e os coeficientes de variação foram obtidos utilizando software R., (2013).

2.2 Formação dos arquivos de dados utilizados nas análises

Foram pré-estabelecidos os intervalos de idade para incluir a pesagem nas análises. Na Tabela 1 estão demonstrados os intervalos de idade considerados conforme a característica em questão.

Tabela 1 - Intervalo de idade considerado para padronização do peso em diferentes idades

Idades	Intervalo de idade (dia)
P205	155 a 255
P365	315 a 415
P550	500 a 600

2.3 Formação dos dados utilizados nas análises (ajuste dos peso, cálculo de peso metabólico, ganho de peso médio diário e índice de Kleiber).

Foram criadas características de peso ajustado nas diferentes idades (P205, P365 e P550). Os pesos corporais a idades-padrão foram obtidos de acordo com a fórmula:

$$PA = (PBf - PBi/Ds)*C + PBi$$

em que *PA* é o peso corporal na idade padrão (kg), *PBf* é o peso corporal final (kg), *PBi* é o peso corporal inicial (kg), *Ds* é número de dias entre pesagens e *C* é ajuste em dias. Para a formação destes ganhos de pesos foram utilizados somente registros de animais que tivessem dados de pesagens nas duas idades constituintes do ganho de peso, ou seja, a idade inicial e final.

O índice de Kleiber foi calculado dividindo-se Ganho de Peso Médio Diário (GPD) por Peso Vivo Metabólico ($PV^{0,75}$) (ARTHUR et al., 2001b; KLEIBER, 1936).

Para o cálculo do GPD dos animais foi utilizada a fórmula: $GPD = (PF - PI)/N$, sendo PF o peso final, Pi o peso inicial e N o número de dias do períodos.

2.4 Formação dos grupos de contemporâneos (GC)

Com o intuito de agrupar os animais que foram submetidos a condições de desenvolvimento/criação semelhantes foram formados os grupos de contemporâneos (GC). Todos os efeitos relevantes foram analisadas com o auxílio software “R” (R, 2013) para avaliar sua significância estatística. Os efeitos estatisticamente significativas ($P < 0,05$) foram utilizadas para a formação dos grupos contemporâneos (GC). As fontes

de variação consideradas foram: a fazenda de origem do animal junto com o criador, sexo, estação de nascimento e o ano de nascimento, todas incluídas na formação do grupo de contemporâneos da desmama ao sobreano.

Após a formatação dos grupos de contemporâneos foram excluídos das análises os dados provenientes de grupos de contemporâneos com menos que três animais, foi verificado a conectabilidade para minimizar os problemas entre os grupos e melhorar a acurácia das estimativas de seus respectivos efeitos.

No arquivo de *pedigree*, foram incluídos até mais de três gerações de ancestrais e, após a consistência do arquivo de dados, as análises bicaracterísticas foram realizadas com o total de 47.781 animais, filhos de 2.428 touros e 8.694 vacas.

2.5 Estimativas de parâmetros genéticos

Para estimar os parâmetros genéticos, as análises uni e bicaracterísticas foram realizadas utilizando o método de máxima verossimilhança restrita (REML) no software Wombat (MEYER, 2011). Em todas as análises foi utilizado o modelo animal. Para definir o modelo mais adequado aos dados foi realizada a análise uni – característica para todas as características usando modelos sucessivamente mais complexos pela adição de efeitos aleatórios maternos, de ambiente materno e ambos. O modelo escolhido foi posteriormente utilizado em bicaracterística. O critério de convergência para todas as análises foi de 10^{-9} .

Os três modelos diferentes estudados em análises uni-características foram como segue:

Modelo 1 (M1): efeito genético aditivo direto e residual

Modelo 2 (M2): efeito genético aditivo direto, ambiente permanente materno, e residual

Modelo 3 (M3): efeito genético aditivo direto, materno, ambiente permanente materno, e residual

O modelo estatístico completo (M3) é representado por:

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

Em que: y é o vetor de registros para cada média de peso corporal, β é o vetor de efeito fixo (GC), a é o vetor de efeito genético aditivo direto, m é o vetor de efeito genético materno, pe é o vetor dos efeitos ambientais maternos permanente, e e é o vetor de efeito residual aleatório. X , Z , M e W são as matrizes de incidência associadas com os seus respectivos efeitos de y .

Os pressupostos para o modelo geral foram como se segue:

$$E(y) = X\beta$$

$$E(a) = 0, E(m) = 0, E(pe) = 0 \text{ e } E(e) = 0.$$

$$\text{var} \begin{bmatrix} a \\ m \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & In\sigma_{pe}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & Inb\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Em que: A = matriz de parentesco genético aditivo; I_{nv} e I_{nb} = matrizes identidade de dimensão número de mães (nv) e total de observações (nb); σ_a^2 = variância genética aditiva direta, σ_m^2 variância genética aditiva materna; σ_{pe}^2 = variância de ambiente permanente e σ_e^2 = variância residual.

Verificou-se o teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test - LRT*) entre os três modelos, a fim de testar se a inclusão de outros efeitos aleatórios foi significativa. O modelo com efeito genético aditivo direto, materno, materno permanente e residual (M3) foi considerado o mais adequado para ajustar os dados analisados. O teste baseia-se na comparação de duas vezes a probabilidade de log ($-2\log L$), que segue uma distribuição do Qui-quadrado (χ^2), e o nível de significância de 5% com “n” graus de liberdade, que era o resultado da diferença entre os parâmetros estimados para cada modelo testado (HOGG; CRAIG, 1995). Depois da escolha do modelo para as características, as análises bicaracterísticas foram realizadas, e as herdabilidade e correlações genéticas, foram estimadas.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Estatísticas descritivas

A comparação entre os três modelos propostos e estimativas de herdabilidade direta com respectivos erros padrões para as características estão apresentados na Tabela 2. A estatística descritiva para pesos a idades-padrão, ganho de peso médio diário e índice de kleiber são apresentados na Tabela 3. As estimativas de componentes de (co)variâncias genéticas aditivas e residuais e herdabilidades, obtidas em análises bicaracterísticas, são apresentadas na Tabela 4. Os resultados das estimativas das correlações encontram – se na Tabela 5.

Tabela 2. Comparação entre os quatro modelos propostos para características pesos ajustados às idades padrão de 205 (P205); 365 (P365); 550 (P550) dias, ganho de peso do nascimento aos 205 dias de idade (GPN205); ganho de peso dos 205 aos 365 dias de idade (GP205365); ganho de peso dos 365 aos 550 dias de idade (GP365550); índice de Kleiber aos 205 dias (IK205); índice de Kleiber aos 365 dias (IK365) e índice de Kleiber aos 550 dias (IK550) de bovinos de raça Brahman.

Características	Modelo	$h_a^2 \pm EP$	$h_m^2 \pm EP$	$c^2 \pm EP$	2xLogL	LRT			
						M2-M1	M3-M1	M4-M2	M4-M3
P205	M1	0,42±0,02			-78451,88	93,85 (ns)	86,76 (ns)	28,39 (ns)	35,49 (ns)
P205	M2	0,24±0,02		0,14±0,01	-78358,028				
P205	M3	0,22±0,02	0,12±0,01		-78365,123				
P205	M4	0,20±0,02	0,05±0,01	0,10±0,01	-78329,636				
P365	M1	0,20±0,03			-42064,027	0,59 (ns)	7,81 (ns)	7,22 (ns)	0 (ns)
P365	M2	0,19±0,03		0,02±0,02	-42063,442				
P365	M3	0,16±0,03	0,03±0,01		-42056,219				
P365	M4	0,16±0,03	0,03±0,01	0,00±0,02	-42056,219				
P550	M1	0,22±0,03			-55362,631	3,4 (ns)	5,07 (ns)	2,68 (ns)	1,6 (ns)
P550	M2	0,20±0,03		0,04±0,01	-55358,636				
P550	M3	0,18±0,03	0,03±0,01		-55357,561				
P550	M4	0,17±0,03	0,02±0,01	0,03±0,02	-55355,96				
GPN205	M1	0,40±0,02			34665,319	91,5(ns)	85,98 (ns)	28,9 (ns)	34,42 (ns)
GPN205	M2	0,23±0,02		0,14±0,01	34756,822				
GPN205	M3	0,21±0,02	0,12±0,01		34751,302				
GPN205	M4	0,19±0,02	0,05±0,01	0,10±0,01	34785,717				
GP205365	M1	0,21±0,03			10720,089	0,01(ns)	0,51 (ns)	0,49 (ns)	0,02 (ns)
GP205365	M2	0,21±0,03		0,00±0,01	10720,083				
GP205365	M3	0,20±0,03	0,01±0,01		10720,594				
GP205365	M4	0,20±0,03	0,01±0,01	0,00±0,02	10720,571				
GP365550	M1	0,13±0,03			8850,352	0,92 (ns)	0,27 (ns)	0,025 (ns)	0,67 (ns)
GP365550	M2	0,12±0,03		0,03±0,02	8851,267				
GP365550	M3	0,12±0,03	0,01±0,01		8850,621				
GP365550	M4	0,11±0,03	0,00±0,01	0,03±0,02	8851,292				
IK205	M1	0,37±0,02			41259,67	85,88 (ns)	83,27(ns)	28,41(ns)	31,03(ns)
IK205	M2	0,20±0,02		0,14±0,01	41345,552				
IK205	M3	0,19±0,02	0,11±0,01		41342,935				
IK205	M4	0,17±0,02	0,05±0,01	0,10±0,01	41373,965				
IK365	M1	0,25±0,03			8602,821	0,31 (ns)	0,53 (ns)	0,83 (ns)	0 (ns)
IK365	M2	0,26±0,03		0,00±0,01	8602,513				
IK365	M3	0,24±0,03	0,01±0,01		8603,349				
IK365	M4	0,24±0,03	0,01±0,01	0,00±0,02	8603,346				
IK550	M1	0,11±0,03			9100,711	0,45 (ns)	0,12 (ns)	0,01 (ns)	0,33 (ns)
IK550	M2	0,10±0,03		0,02±0,02	9101,158				
IK550	M3	0,11±0,03	0,01±0,01		9100,832				
IK550	M4	0,10±0,03	0,00±0,01	0,02±0,02	9101,166				

σ_a^2 variância genética aditiva direta, σ_m^2 variância genética aditiva materna, σ_c^2 variância residual, σ_{pe}^2 variância materna de ambiente permanente, σ_p^2 variação fenotípica, M1 $\sigma_a^2 + \sigma_c^2$, M2 $\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_c^2$, M3 $\sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_c^2$, M4 $\sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_c^2$, h_a^2 estimativa de herdabilidade direta, h_m^2 estimativa de herdabilidade materna, c^2 proporção da variância de ambiente permanente materno a variância total, 2xLogL duas vezes o logaritmo da probabilidade, LRT teste da razão de verossimilhança, ns não significativamente diferente de zero ($LRT \geq X^2_{(5\%)}$), EP erro padrão

O teste de razão de verossimilhança não comprovou diferença significativa ($P > 0,05$) entre os quatro modelos estudados, embora evidenciassem a importância de se incluir os efeitos maternos (genético materno e ambiente permanente materno) nas análises para

características de crescimento e índice de Kleiber. Por meio deste teste também foi possível notar que o modelo que incluiu efeito genético aditivo direto, genética aditiva materna, materna de ambiente permanente e residual (M4), foi o mais adequado para estimar os parâmetros genéticos das características de peso ajustado aos 205 (P205), ganho de peso do nascimento aos 205 dias de idade (GPN205) e índice de Kleiber aos 205 dias (IK205). Verificou-se que o (M4) apresentou-se com valor de $-2\log L$ menor que as demais modelos, mostrando que o modelo (M4) foi melhor para ajustar aquelas características aos 205 dias. As estimativas de parâmetros genéticos teve grande variações dependendo de qual efeito foi incluído no modelo para análises unicaracterísticas. Ao usar M1 para estimar h_a^2 para P205, GPN205 e IK205, vemos que, quando comparados com os outros modelos, os valores foram extremamente elevados Tabela 2. Menor variação foi observado nas estimativas de herdabilidade direta para P365, P550, GP205365, GP365550, IK365 e IK550. Os valores observados neste trabalho decrescem de modelo (M1) para modelo (M4), indicando que pode estar havendo viés na estimativa da variância genética direta por efeitos maternos não contabilizados. Os modelos que incluíram efeitos genéticos maternos e de ambiente permanente explicaram melhor a variação do P205, GPN205 e IK205 dias. Assim escolhemos o modelo M4 para estas características na realização das análises bicaracterísticas e o modelo M1 para as demais características. Herdabilidades altas observada nas estimativas com modelo M1, é porque o modelo M1 não levou em conta os efeitos ambientais permanentes genéticos, ou maternas. De acordo com Ferraz Filho (2002), a influência dos efeitos maternos sobre o desempenho da progênie é mais importante em idades precoces. Observou-se que os efeitos maternos diminuiu com aumento de idade dos animais e deixou de influenciar na idade adulta. Cyrillo et al. (2004) destacaram também que a inclusão do efeito de ambiente permanente materno no modelo, além do efeito genético direto, foi suficiente para ajustar a variação de ambos os efeitos maternos, em pesos de animais machos Nelore até 13 meses de idade.

Tabela 3 Estatística descritiva para peso aos 205 dias (P205); peso aos 365 dias (P365); peso aos 550 dias (P550); ganho de peso do nascimento aos 205 dias de idade (GPN205); ganho de peso dos 205 aos 365 dias de idade (GP205365); ganho de peso dos 365 aos 550 dias de idade (GP365550); índice de Kleiber aos 205 dias (IK205); índice de Kleiber aos 365 dias (IK365) e índice de Kleiber aos 550 dias (IK550) em bovinos Brahman

<i>Características</i>	<i>Animais</i>	<i>GC</i>	<i>Min</i>	<i>Max</i>	<i>Média</i>	<i>DP</i>	<i>CV(%)</i>
P205	22865	1659	129,14	347,39	198,03	27,46	13,87
P365	11930	1344	208,07	459,73	273,79	38,84	14,19
P550	14398	1252	243,1	578,32	342,2	54,67	15,98
GPN205	22866	1659	0,44	1,54	0,8	0,13	16,25
GP205365	10198	1206	-0,35	1,44	0,42	0,22	52,38
GP365550	7989	1025	0,2	1,42	0,51	0,21	41,18
IK205	22866	1659	1,13	1,91	1,51	0,97	64,24
IK365	10198	1206	-0,56	1,57	0,61	0,27	44,26
IK550	7989	1025	0,21	1,28	0,6	0,19	31,67

GC grupos contemporâneos, *Min* valores mínimos para as características, *Max* valores máximos para as características, *DP* desvio padrão, *CV%* coeficiente de variação

Houve diminuição considerável no número de animais avaliados para as características P205 a P550, GPN205 a GP365550, IK205 a IK550 (Tabela 3). O abate, a mortalidade ou venda dos animais que não foram incluídos nas idades posteriores podem explicar os resultados observados.

Estes valores de 198,03; 273,79 e 342,2 são considerados ligeiramente baixos, porém são compatíveis com os índices produtivos dos animais zebuínos criados no Brasil e outros países. (VARGAS et al., 2014) para P205, P365, P550 encontraram 187,76 (Kg), 246,79 (kg), 325,34 respectivamente; (PICO et al., 2004) para P205, P365, P550 encontraram 212 (kg), 274 (kg), 361 (kg); (PLASSE et al., 2004) para P205, P550 encontraram 175 (kg), 262 (kg); (PARRA-BRACAMONTE et al., 2007) para P205, P365, P550 encontraram 180,7 (kg), 265,6 (kg), 352,2 (kg) e (ESTRADA-LEÓN et al., 2014) para P205 encontraram 204,05 (Kg). A diferença entre a média encontrada por estes autores comparada à do presente estudo para mesma raça analisada, poderia ser atribuída à diferença entre bancos de dados da população estudada e à edição dos dados utilizada.

Observou-se valores mínimos negativos Tabela 3, no ganho de peso médio diário da desmame GPN205 ao GP205365 dias e voltou a subir aos GP365550. Para índice de Kleiber observou-se diminuição linear e manteve o mesmo padrão da idade jovem a adulta Tabela 3. A tendência de diminuição do ganho de peso GPN205 ao GP205365 e

sua subida GP365550 foi relatado por Mercadante et al. (2004), para fêmeas da raça Nelore. Essa diminuição do ganho de peso médio diário observado da desmama ao ano deveria ser atribuído ao "Estresse a Desmama" uma situação na qual, logo após a desmama, evidencia-se nos bezerros a perda de peso e maior susceptibilidade a doenças e parasitoses. Os valores mínimos negativos observados GP205365 é atribuído aos animais que perdem peso após desmamado, principalmente no Brasil onde o desmame de bezerro é feita na época de seca e falta do pasto. Segundo Vieira et al. (2005) nessa idade, o potencial genético do próprio animal é expresso em termos de ganho em peso, embora deva-se levar em consideração o efeito residual da habilidade materna, que vai decrescendo conforme o aumento da idade do animal.

Os valores altos do índice de Kleiber na desmama e baixos ao idade adulto, indicam maior diluição das exigências de manutenção, ou seja, maior crescimento corporal dos animais estudados obtido na desmama sem aumento do custo de energia de manutenção. De acordo com Bullock et al. (1993) quanto maior a taxa de ganho, maior a eficiência de conversão em função da diluição das exigências de manutenção, que são relativamente constantes. Este fato poderia ser justificado pela diminuição da exigência de energia metabolizável para manutenção, em animais na fase de crescimento, assegurando maior disponibilidade de energia para o ganho (HOGG, 1991). Possivelmente essa menor exigência para manutenção estaria relacionada diretamente com o tamanho dos órgãos internos, que se encontram reduzidos nos animais que sofreram restrição por estresse à desmama. O coeficiente de variação (CV%) do IK205 Tabela 3, é muito maior em comparação ao IK365 e IK550. Com esse aumento de CV IK205 deve-se ao número de informação muito maior de animais em estudo naquela idade.

Tabela 4 Estimativas da variância genética aditiva (σ_a^2) e materna (σ_m^2), variância de ambiente permanente materno (σ_{pe}^2), variância residual (σ_e^2), herdabilidade direta (h_a^2), herdabilidade materna (h_m^2) e herdabilidade de ambiente permanente materno (h_{pe}^2) das análises bicaracterísticas para o peso corporal ajustado aos P205, P365, P550, ganho de peso do nascimento aos P205 dias de idade (GPN205), ganho de peso dos P205 aos P365 dias de idade (GP205365), ganho de peso dos P365 aos P550 dias de idade (GP365550), índice de kleiber aos 205 dias (IK205), índice de kleiber aos 365 dias (IK365) e índice de kleiber aos 550 dias (IK550) de idade em bovinos Brahman

Características	σ_a^2	σ_m^2	σ_{pe}^2	σ_e^2	h_a^2	h_m^2	h_{pe}^2
P205	137,58	24,93	48,45	356,92	0,24 ± 0,02	0,04 ± 0,01	0,07 ± 0,01
P365	200,7			721,84	0,22 ± 0,02		
P550	366,11			1173,32	0,24 ± 0,02		
GPN205	2,72*10 ⁻⁰³	6,15*10 ⁻⁰⁴	1,23*10 ⁻⁰³	8,52*10 ⁻⁰³	0,21 ± 0,02	0,05 ± 0,01	0,09 ± 0,01
GP205365	6,49*10 ⁻⁰³			23,51*10 ⁻⁰³	0,22 ± 0,03		
GP365550	3,37*10 ⁻⁰³			21,46*10 ⁻⁰³	0,15 ± 0,03		
IK205	1,34*10 ⁻⁰³	3,12*10 ⁻⁰⁴	6,05*10 ⁻⁰⁴	4,72*10 ⁻⁰³	0,19 ± 0,02	0,04 ± 0,01	0,09 ± 0,01
IK365	1,29*10 ⁻⁰²			3,67*10 ⁻⁰²	0,26 ± 0,03		
IK550	2,76*10 ⁻⁰³			0,2*10 ⁻⁰¹	0,12 ± 0,03		

As estimativas de herdabilidade direta encontradas no presente estudo Tabela 4 para as características, os valores variaram de 0,24 a 0,12 e que as magnitudes são suficientes para indicar que há variabilidade genética aditiva, e estas características são passíveis de seleção.

Estudos estimaram valores de herdabilidade moderada para características de eficiência alimentar de diferentes espécies, no entanto a herdabilidade moderada para IK encontrado no presente trabalho pode indicar que, existe o potencial para reduzir o custo de produção de carne por seleção para eficiência alimentar, em programas de melhoramento genético. Para bovinos de corte de raças europeias encontraram estimativas de herdabilidade para características de eficiência alimentar em função do ganho de peso corporal e alimentos consumidos de 0,28 (KOCH et al., 1963) até 0,49 (ARTHUR et al., 2001a). Com esta herdabilidade os autores ressaltaram que embora as análises econômicas indiquem benefício de seleção para eficiência alimentar, o alto custo inicial de identificação dos animais que são superiores para a eficiência alimentar é uma barreira para adoção rápida da tecnologia.

Uma meta-análise de cinco publicações científicas que avaliaram IK demonstraram que a herdabilidade estimada para o IK varia de 0,21 a 0,52 em animais em crescimento (BERRY; CROWLEY, 2013). No entanto, as baixas herdabilidades estimadas no presente

trabalho não implicam em não inclusão da características de eficiência alimentar IK em programas de melhoramento genético, uma vez que devido à importância econômica dessa característica grandes impactos econômicos seriam alcançados mesmo com modestas alterações nos valores genéticos.

Tabela 5 As estimativas de correlações genéticas para o peso corporal ajustado aos 205, 365, 550 dias de idade, ganho de peso do nascimento aos 205 dias de idade (GPN205), ganho de peso dos 205 aos 365 dias de idade (GP205365), ganho de peso dos 365 aos 550 dias de idade (GP365550), índice de kleiber aos 205 dias (IK205), índice de kleiber aos 365 dias (IK365) e índice de kleiber aos 550 dias (IK550) em bovinos Brahman

	P205	P365	P550	GPN205	GP205365	GP365550	IK205	IK365	IK550
P205	*	0,75 ± 0,05	0,86 ± 0,03	0,99 ± 0,00	-0,42 ± 0,08	0,70 ± 0,9	0,99 ± 0,01	-0,66 ± 0,05	0,57 ± 0,11
P365		*	0,92 ± 0,03	0,75 ± 0,05	0,54 ± 0,07	0,73 ± 0,11	0,76 ± 0,05	0,36 ± 0,08	0,44 ± 0,15
P550			*	0,85 ± 0,03	0,33 ± 0,09	0,85 ± 0,06	0,84 ± 0,03	0,11 ± 0,9	0,63 ± 0,10
GPN205				*	-0,42 ± 0,08	0,69 ± 0,09	0,98 ± 0,00	-0,66 ± 0,05	0,56 ± 0,11
GP205365					*	0,21 ± 0,14	-0,43 ± 0,08	0,98 ± 0,00	0,04 ± 0,15
GP365550						*	0,67 ± 0,09	0,02 ± 0,13	0,96 ± 0,01
IK205							*	-0,66 ± 0,06	0,55 ± 0,11
IK365								*	-0,09 ± 0,14
IK550									*

Os resultados obtidos a partir de análises são apresentados na Tabela 5. As correlações entre os índices de Kleiber a diferentes idades mostram que essa característica deve ser analisada como uma característica diferente em cada período da vida dos indivíduos. As correlações genéticas são distantes da unidade, fornecendo evidência de que a estrutura de determinação genética se altera nos diferentes períodos da vida do animal. A implicação disso é que os animais com melhores valores genéticos aditivos para o índice de Kleiber (eficiência alimentar) até a desmama podem não ser os melhores da desmama aos 365 dias e dos 365 dias aos 550 dias. A correlação entre o IK205 e IK550 é relativamente alta (0,55), sendo possível utilizar como estratégia em um programa de melhoramento a seleção para o índice de Kleiber na desmama para obter respostas correlacionadas para essa característica aos 550 dias. O IK550 é a medida mais próxima de eficiência alimentar da idade adulta. Assim, a partir dos resultados, sugere-se que a seleção de animais para o IK na desmama pode produzir animais mais eficientes na idade adulta, seria particularmente interessante para as matrizes do rebanho. Entretanto, essa suposição precisa ser confirmada por estudos posteriores com dados de animais em idades mais avançadas. Por outro lado, as correlações entre os índices de Kleiber aos 365 dias com 550 dias (-0,09) indicativa de que a estratégia de obtenção de respostas correlacionados aos 550 dias não funcionaria se a seleção fosse

realizada aos 365 dias. Entretanto, isso não se configura como um problema uma vez que os programas de seleção normalmente realizam a primeira seleção aos 205 dias para o descarte dos desmames inferiores com a finalidade de redução dos custos de manutenção dos animais e geração de receitas com a venda. As correlações entre os índices de Kleiber aos 205 dias com 365 dias (-0,66), a partir deste resultado sugere-se que a seleção para aumentar eficiência alimentar a desmama, indiretamente estaríamos a reduzir a eficiência alimentar 1 ano Tabela 5.

As correlações genéticas entre os índices de Kleibe e os ganhos de peso para os diversos períodos mostraram um padrão semelhante àquele apresentado pelas correlações entre os índices de Kleiber a diferentes idades. Por exemplo, a correlação entre o IK205 e o GP365550 foi 0,67; indicativo de que a seleção para maiores valores de índices de Kleiber na desmama pode resultar em repostas correlacionadas à seleção para maiores ganhos de pesos no período entre 365 e 550 dias. A seleção para maiores ganhos de peso entre o nascimento e desmama (GPN205) resultarão em animais mais eficientes (maiores índices de Kleiber) aos 550 dias ($r=0,56$) Tabela 5.

As correlações genéticas entre os IK a uma determinada idade com os períodos que terminam naquela idade foram todas muito altas. Assim, as correlações entre IK205 e GPN205, entre IK365 e GP205365 e entre IK550 e GP365550 foram respectivamente 0,98, 0,98 e 0,96. Esses resultados definem que a seleção para o IK ou para o ganho de peso terão o mesmo efeito, ou seja, selecionará os mesmos animais e os mesmos alelos. Portanto, ao selecionarmos para maior ganho de peso estamos selecionando também para maior IK (eficiência alimentar) ao final do período. Nenhuma modificação estrutural deve ser realizada dentro dos programas de melhoramento buscando maior eficiência alimentar, pois esses já realizam, como rotina, a seleção para ganhos de peso em períodos específicos.

Não é interessante para os programas de melhoramento que os animais, principalmente as fêmeas, tenham um tamanho adulto muito grande, uma vez que se esses animais forem mantidos no rebanho gerarão altos custos com a alimentação, uma vez que precisão ingerir muitos nutrientes para manter o elevado peso. Dessa forma, seria interessante que animais mais eficientes não fossem aqueles de alto valor para peso. Para machos, que ficam por pouco tempo no rebanho, o elevado peso ao abate não é um grande problema e, pelo contrário, é de modo geral, desejável. Entretanto, os animais mais pesados aos 550 dias de idade tem forte tendência de apresentarem elevados pesos adultos também. Considerando que machos e fêmeas são submetidos

ao mesmo processo de seleção, as fêmeas mais pesadas aos 550 dias de idade, tendem a ser fêmeas maiores e mais pesadas na idade adulta.

As correlações genéticas observadas entre os IK205 e P205 (0,99) e IK550 e P550 (0,63) mostram que a seleção para maiores IK devem apresentar resposta correlacionadas no sentido de aumento de peso nessas idades. Uma resposta correlacionada de mesmo sentido deve ocorrer também para P365 quando a seleção direta for para IK365 mas deve ser de menor magnitude que as duas anteriores dado que a correlação foi (0,36).

As correlações genéticas entre IK205 com P365 e com P550 são altas e positivas (0,76 e 0,84), elevando os pesos em idades futuras dos indivíduos quando a seleção direta é realizada para o IK205. Respostas correlacionadas de menor magnitude devem ocorrer entre IK365 e P550, dado que a correlação encontrada foi de 0,11.

Finalmente, observando os resultados das correlações genéticas do IK365 com o peso mais próximo à idade adulta (P550), percebe-se que a correlação não é alta (0,11) e seleção para eficiência alimentar sem o aumento correlacionado do tamanho adulto poderia ser realizado com maior eficácia nessa idade. Para que essa seleção funcionasse bem seria muito importante que a seleção à desmama não fosse realizada, pois assim a intensidade de seleção poderia ser maior e os efeitos das correlações negativas (e indesejáveis) com o IK205 e GPN205 poderiam ser melhor trabalhadas. Se a seleção para P205 ou GPN205 ou IK205 for realizada, então alguns dos bons animais para IK365 devem ter sido descartados, efetivamente contribui para a diminuição da intensidade de seleção para o IK365. Dessa forma a seleção para a melhoria da eficiência alimentar aos 365 sem grande aumento dos pesos em idades mais avançadas seria prejudicada, talvez não produzindo resultados satisfatórios quando se pensa em seleção de matrizes para o rebanho.

Para machos, até os 550 dias é importante ter altos ganhos de peso e elevado peso. Assim, uma possível estratégia para programas de melhoramento genético seria implementar programas de seleção distintos para machos e fêmeas, em que os machos seriam selecionados normalmente para P205 ou GPN205 ou IK205 e as fêmeas somente teriam sua primeira seleção em aproximadamente um ano de idade para IK365 ou GP365550. Com esse tipo de procedimento existe uma chance de se selecionar as fêmeas para menor tamanho corporal e maior eficiência alimentar e os machos para alta eficiência e peso aos 550 dias.

Na seleção de fêmeas, a intensidade de seleção poderia ser maior a um ano do que

no esquema convencional, entretanto, o intervalo de geração aumentaria. Entretanto, resposta se essa estratégia seria viável (ou de que forma seria viável) para programas de melhoramento deve ser obtida de estudos e comparações de índices de seleção para machos e fêmeas.

Os resultados obtidos para estas características indicativa de que praticando a seleção genética com base na seleção de animais com alto ganhos em peso à idade jovem serão selecionados animais mais eficientes do ponto de vista energético. Com o observado, o IK permite em um programa de melhoramento genético a seleção de animais que são mais desejáveis no sistema de produção, uma vez que está altamente correlacionado com o GPD e o peso vivo do animal. Foi confirmado por Arthur et al. (2001b) que as medidas de crescimento e índice de Kleiber apresentam forte correlação com ganho de peso. Archer et al. (2002) descreveram existência de alta correlação genética entre maioria dos índices de eficiência alimentar no desmame de fêmeas e nessas mesmas fêmeas quando adultas (*Bos taurus*), levando a crer que é possível determinar precocemente a eficiência alimentar pelo índice de eficiência alimentar. Isso é fundamental para garantir que animais eficientes quando selecionados jovens mantenham essa característica em idades posteriores. Herd et al. (1998) e Herd et al. (2002), observaram correlação entre a eficiência alimentar de animais em confinamento com a eficiência encontrado em pastejo. Este é um aspecto de grande importância a ser considerado em países como o Brasil, onde a pecuária é essencialmente à pasto.

4 CONCLUSÕES

As estimativas de herdabilidade para a raça Brahman em características estudadas de peso e índice de Kleiber ao desmame e, pós-desmame mostram que a seleção direta para qualquer característica estudada teria um resultado positivo para o aumento da produção de carne. Devido à sua importância econômica, herdabilidade moderada e alta correlação genética com as outras características, IK poderia ser utilizada como critério de seleção. Com relação às correlações genéticas, a seleção realizada em idades mais jovens afetaria positivamente e indiretamente as outras características em idades avançadas.

REFERÊNCIAS

- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU - ABCZ. **Estatísticas de RGN e RGD**. 2010. Disponível em: <<http://www.abcz.org.br>>. Acesso em: 14 out. 2015.
- ASSOCIAÇÃO DOS CRIADORES DE BRAHMAN DO BRASIL - ACBB. **Estágio atual da raça**. 2012a. Disponível em: <<http://www.brahman.com.br>>. Acesso em: 13 jan. 2016.
- ASSOCIAÇÃO DOS CRIADORES DE BRAHMAN DO BRASIL - ACBB. **Estágio atual da raça**. , 2012. Disponível em: <<http://www.brahman.com.br>>. Acesso em: 27 jan. 2016.
- ARCHER, J. A.; REVERTER, A.; HERD, R. M.; JOHNSTON, D. J.; ARTHUR, P. F.; OTHERS. Genetic variation in feed intake and efficiency of mature beef cows and relationships with postweaning measurements. World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. **Anais...** . v. 7, p.221–224, 2002. Disponível em: <http://www.livestockgenomics.csiro.au/courses/TR_publications/WCGALP_02_10-07.pdf>. Acesso em: 9 out. 2015.
- ARCHER, J. A.; RICHARDSON, E. C.; HERD, R. M.; ARTHUR, P. Potential for selection to improve efficiency of feed use in beef cattle: a review. **Australian Journal of Agricultural Science**, v. 50, p. 147–161, 1999.
- ARTHUR, P. F.; ARCHER, J. A.; JOHNSTON, D. J.; HERD, R. M.; RICHARDSON, E. C.; PARNELL, P. F. Genetic and phenotypic variance and covariance components for feed intake, feed efficiency, and other postweaning traits in Angus cattle. **Journal of animal science**, v. 79, n. 11, p. 2805–2811, 2001a.
- ARTHUR, P. F.; ARCHER, J. A.; JOHNSTON, D. J.; HERD, R. M.; RICHARDSON, E. C.; PARNELL, P. F. Genetic and phenotypic variance and covariance components for feed intake, feed efficiency, and other postweaning traits in Angus cattle. **Journal of animal science**, v. 79, n. 11, p. 2805–2811, 2001b.
- BASARAB, J. A.; PRICE, M. A.; AALHUS, J. L.; OKINE, E. K.; SNELLING, W. M.; LYLE, K. L. Residual feed intake and body composition in young growing cattle. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 83, n. 2, p. 189–204, 2003.
- BERRY, D. P.; CROWLEY, J. J. Genetics of feed efficiency in dairy and beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 91, p. 1594–613, 2013.
- BULLOCK, K. D.; BERTRAND, J. K.; BENYSHEK, L. L. Genetic and environmental parameters for mature weight and other growth measures in Polled Hereford cattle. **Journal of animal science**, v. 71, n. 7, p. 1737–1741, 1993.
- ESTRADA-LEÓN, R. J.; MAGAÑA-MONFORTE, J. G.; SEGURA-CORREA, J. C. Estimation of genetic parameters for preweaning growth traits of Brahman cattle in Southeastern Mexico. **Tropical Animal Health and Production**, v. 46, n. 5, p. 771–776, 2014.
- HERD, R. M.; HEGARTY, R. S.; DICKER, R. W.; ARCHER, J. A.; ARTHUR, P. F. Selection for residual feed intake improves feed conversion in steers on pasture. **Anim. Prod. Aust**, v. 24, p. 85–88, 2002.
- HERD, R. M.; RICHARDSON, E. C.; HEGARTY, R. S.; WOODGATE, R.; ARCHER, J. A.; ARTHUR, P. F. Pasture intake by high versus low net feed efficient Angus cows. **Animal Production in Australia**, v. 22, p. 137–140, 1998.

- HOGG, B. W. Compensatory growth in ruminants. , 1991. Disponível em: <<http://agris.fao.org/agris-search/search.do?recordID=GB9128659>>. Acesso em: 1 fev. 2016.
- HOGG, R.; CRAIG, A. **Introduction to mathematical statistics**. 5. ed. New Jersey: Prentice Hall, 1995.
- KLEIBER, M. Problems involved in breeding for efficiency of food utilization. **American Society Animal Production**, v. 29, p. 247–258, 1936.
- KOCH, R. M.; SWIGER, L. A.; CHAMBERS, D.; GREGORY, K. E. Efficiency of feed use in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 22, n. 2, p. 486–494, 1963.
- MERCADANTE, M. E. Z.; RAZOOK, A. G.; TROVO, J. B. F.; CYRILLO, J.; FIGUEIREDO, L. A. Parâmetros genéticos do peso no início da estação de monta, considerando indicativo do peso adulto de matrizes Nelore. **Rev. Bras. Zootec**, v. 33, p. 1135–1144, 2004.
- MEYER, K. **A program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood**: user notes. [S.l.], 2011.
- PARRA-BRACAMONTE, G. M.; MARTÍNEZ-GONZÁLEZ, J. C.; CIENFUEGOS-RIVAS, E. G.; GARCÍA-ESQUIVEL, F. J.; ORTEGA-RIVAS, E. Parámetros genéticos de variables de crecimiento de ganado Brahman de registro en México Genetic parameters for growth traits in registered Brahman cattle from Mexico. **Vet. Méx**, v. 38, p. 2, 2007.
- PICO, B. A.; NESER, F. W. C.; WYK, J. V. Genetic parameters for growth traits in South African Brahman cattle. **South African Journal of Animal Science**, v. 34, n. 6, p. 44–46, 2004.
- PLASSE, D.; ARANGO, J.; FOSSI, H.; CAMARIPANO, L.; LLAMOZAS, G.; PIERRE, A.; ROMERO, R. Genetic and non-genetic trends for calf weights in a *Bos indicus* herd upgraded to pedigree Brahman. **Livestock Research for Rural Development**, v. 16, n. 7, p. 2004, 2004.
- R, R. D. C. T. **A language and environment for statistical computing**: R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria: [s.n.], 2013. Disponível em: <<http://www.R-project.org>>. Acesso em: 25 set. 2013.
- VARGAS, G.; BUZANSKAS, M. E.; GUIDOLIN, D. G. F.; GROSSI, D.A.; BONIFÁCIO, A.; LÔBO, R. B.; FONSECA, R.; OLIVEIRA, J. A.; MUNARI, D. P. Genetic parameter estimation for pre- and post-weaning traits in Brahman cattle in Brazil. **Tropical Animal Health and Production**, v. 46, n. 7, p. 1271–1278, 2014.
- VIEIRA, A.; LOBATO, J. F. P.; TORRES JUNIOR, R. DE A.; CEZAR, I. M.; CORREA, E. S. Fatores determinantes do desempenho reprodutivo de vacas Nelore na região dos cerrados do Brasil Central. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n. 6, p. 2408–2416, 2005.

ANEXO – Script do software R: Consistência dos dados para estimar parâmetros genéticos de características ponderais, peso metabólico e índice de Kleiber.

```
#####LEITURA DE DADOS PARA DENTRO DO R
PARAJUSTAR OS
PESOS#####
rebanho <-
read.table("/home/matoss/documentos/Documentos/dissertação/DADOS/ANIMAIS_1.txt",s
ep="|",header=TRUE)
#nomeando o data frame
names(rebanho) <- c("id","registro","raça","DatNasc","PN","uf")
#removendo a última coluna
rebanho <- rebanho[,-c(7)]
#ordenando as colunas do data frame por id
rebanho <- rebanho[order(rebanho$id),]

pesos<-
read.table("/home/matoss/documentos/Documentos/dissertação/DADOS/PESO_1.txt",sep
="|",header = TRUE)
#nomeando o data frame
names(pesos) <- c("id","pbruto","regAlim","condCria","datPesag","criador","fazenda")
#removendo a última coluna do data frame
pesos <- pesos[,-c(8)]
#ordenando as colunas do data frame por id
pesos <- pesos[order(pesos$id),]
#juntando o data frame de rebanho e data frame de pesos
pesoanimais <- merge(rebanho,pesos,by = "id")
summary(pesoanimais)
#colocando datas de nascimento e de pesagem no formato do R
pesoanimais$DatNasc <- as.Date(pesoanimais$DatNasc,"%d/%m/%Y")
pesoanimais$datPesag <- as.Date(pesoanimais$datPesag,"%d/%m/%Y")
#calculando o dias de vida dos animais do nascimento até as subseqüentes pesagens
pesoanimais$dias <- as.numeric(pesoanimais$datPesag - pesoanimais$DatNasc)
class(pesoanimais$dias)
#####TRABHANDO COM PESO
AJUSTADOS AOS 205
DIAS#####
#selecionando dias próximos absolutos aos 205 dias
absoluto205 <- subset(pesoanimais,select = c(id,PN,pbruto,dias))
#selecionando dias próximos aos 205 dias
absoluto205$diapróximo205 <- abs(absoluto205$dias - 205)
#selecionando dias aos 205 dias dentro da faixa +-50 dias
absoluto205$dias[absoluto205$dias <= 155 | absoluto205$dias >= 255] <- NA
summary(absoluto205$dias)
absoluto205 <- absoluto205[order(absoluto205$id,absoluto205$diapróximo205),]
absoluto205 <- absoluto205[!duplicated(absoluto205$id),]
summary(absoluto205$pbruto)
#restrições de pesos brutos máximos e mínimos aos 205 dia
absoluto205$pbruto[absoluto205$pbruto <= 150 | absoluto205$pbruto >= 339] <- NA
summary(absoluto205$pbruto)
```

```

#restrição de peso ao nascimento, mínimo e máximo
absoluto205$PN[absoluto205$PN <= 15 | absoluto205$PN >= 60] <-NA
summary(absoluto205$PN)
absoluto205 <- absoluto205[order(absoluto205$id),]
#ajustando os pesos para os 205 dias
absoluto205$p205ajust <- ((absoluto205$pbruto
absoluto205$PN)/absoluto205$dias)*205 + absoluto205$PN
summary(absoluto205$p205ajust)
#restrição de pesos ao desmame
#absoluto205$p205ajust[absoluto205$p205ajust <= 150 | absoluto205$p205ajust >= 339]
<- NA
#summary(absoluto205$p205ajust)
absoluto205 <- absoluto205[order(absoluto205$id),]
summary(absoluto205)
#calculando o ganho de peso diário aos 205 dias (GPD205)
absoluto205$GPD205 <- (absoluto205$p205ajust - absoluto205$PN)/205
summary(absoluto205$GPD205)
#####TRABALHANDO COM PESO
AJUSTADO AOS 365
DIAS#####
#selecionando dias próximos e absolutos aos 365 dias
absoluto365 <- subset(pesoanimais,select = c(id,PN,pbruto,dias))
#junção de objetos absluto 205 e absoluto365 por id
absoluto365 <-
merge(absoluto365,subset(absoluto205,select=c(id,pbruto,p205ajust,GPD205)),by
=id",all=TRUE)
#nomeando objeto absoluto365
names(absoluto365) <- c("id","PN","pbruto365","dias","pbruto205","p205ajust","GPD205")
#selecionando dias próximos aos 365 dias
absoluto365$diaspróximos365 <- abs(absoluto365$dias - 365)
#selecionando dias aos 365 dias dentro da faixa +-50 dias
absoluto365$dias[absoluto365$dias <= 315 | absoluto365$dias >= 415] <- NA
summary(absoluto365$dias)
absoluto365 <- absoluto365[order(absoluto365$id,absoluto365$diaspróximos365),]
absoluto365 <- absoluto365[!duplicated(absoluto365$id),]

#restrições de pesos brutos máximos e mínimos aos 365 dia
absoluto365$pbruto365[absoluto365$pbruto365 <= 230 | absoluto365$pbruto365 >=
422.1] <-NA
summary(absoluto365$pbruto365)
#restrição de peso ao nascimento, mínimo e máximo
absoluto365$PN[absoluto365$PN <= 15 | absoluto365$PN >= 60] <- NA
summary(absoluto365$PN)
absoluto365 <- absoluto365[order(absoluto365$id),]
#ajustando os pesos para os 205 dias
absoluto365$p365ajust <- ((absoluto365$pbruto365
absoluto365$PN)/absoluto365$dias)*365 + absoluto365$PN
summary(absoluto365$p365ajust)
#restrição de pesos ao desmame

```

```

#absoluto365$p365ajust[absoluto365$p365ajust <= 230 | absoluto365$p365ajust >=
422.1] <- NA
#summary(absoluto365$p365ajust)
absoluto365 <- absoluto365[order(absoluto365$id),]
#calculando o ganho de peso diário aos 365 dias (GPD365)
absoluto365$GPD365 <- (absoluto365$p365ajust - absoluto365$p205ajust)/(365-205)
summary(absoluto365$GPD365)
absoluto365$GPD365[absoluto365$GPD365 <= 0.2] <- NA
summary(absoluto365$GPD365)
#head(table(absoluto365$GPD365))
#absoluto365[which(absoluto365$GPD365 <= 0),]
#####TRABALHANDO COM PESO
AJUSTADO AOS 550
DIAS#####
#selecionando dias próximos e absolutos aos 550 dias
absoluto550 <- subset(pesoanimais,select = c(id,PN,pbruto,dias))
#junção de objetos absoluto365 e absluto550
absoluto550 <-
merge(absoluto550,subset(absoluto365,select=c(id,pbruto205,pbruto365,p205ajust,p365a
just,GPD205,GPD365)),by = "id",all=TRUE)
#nomeando o data frame absoluto550
names(absoluto550) <-
c("id","PN","pbruto550","dias","pbruto205","pbruto365","p205ajust","p365ajust","GPD205","
GPD365")
#selecionando animais com dias próximos aos 550 dias
absoluto550$diaspróximos550 <- abs(absoluto550$dias - 550)
#selecionando dias aos 550 dias dentro da faixa +-50 dias
absoluto550$dias[absoluto550$dias <= 500 | absoluto550$dias >= 600] <- NA
summary(absoluto550$dias)
absoluto550 <- absoluto550[order(absoluto550$id,absoluto550$diaspróximos550),]
absoluto550 <- absoluto550[!duplicated(absoluto550$id),]

#restrições de pesos brutos máximos e mínimos aos 550 dia
absoluto550$pbruto550[absoluto550$pbruto550 <= 260 | absoluto550$pbruto550 >= 549]
<- NA
summary(absoluto550$pbruto550)
#restrição de peso ao nascimento, mínimo e máximo
absoluto550$PN[absoluto550$PN <= 15 | absoluto550$PN >= 60] <- NA
summary(absoluto550$PN)
absoluto550 <- absoluto550[order(absoluto550$id),]
#ajustando os pesos para os 205 dias
absoluto550$p550ajust <- ((absoluto550$pbruto550 -
absoluto550$PN)/absoluto550$dias)*550 + absoluto550$PN
summary(absoluto550$p550ajust)
#restrição de pesos ao desmame
#absoluto550$p550ajust[absoluto550$p550ajust <= 260 | absoluto550$p550ajust >= 549]
<- NA
#summary(absoluto550$p550ajust)
absoluto550 <- absoluto550[order(absoluto550$id),]
#calculando o ganho de peso diário aos 550 dias (GPD550)

```

```

absoluto550$GPD550 <- (absoluto550$p550ajust - absoluto550$pbruto365)/(550 - 365)
summary(absoluto550$GPD550)
absoluto550$GPD550[absoluto550$GPD550 <= 0.2] <- NA
summary(absoluto550$GPD550)
#selecionando colunas de interesse para o meu banco de dado principal
pesosfeitos <- subset(absoluto550,select =
c(id,pbruto550,pbruto205,pbruto365,p205ajust,p365ajust,p550ajust,GPD205,GPD365,GP
D550))

pesosfeitos <- subset(pesosfeitos,select =
c(id,pbruto205,pbruto365,pbruto550,p205ajust,p365ajust,p550ajust,GPD205,GPD365,GP
D550))
summary(pesosfeitos)
#####SELECIONANDO COLUNAS DE ID, REGIME
ALIMENTAR, E ID DE CRIAÇÃO PARA NO OBJETO
PESOANIMAIS#####
pesoanimaisnovo <- subset(pesoanimais,select = c(id,regAlim,condCria))
summary(pesoanimaisnovo)
#####
#####Merge dos dois objetos criados pesofinalajustado e
pajustadoF#####
novospesos <- merge(pesosfeitos,pesoanimaisnovo,by="id")#465517
###tirando os duplicados
novospesos <- novospesos[!duplicated(novospesos$id),]

#####selecionando os animais com regime
alimentar a
pasto#####
novospesos[(novospesos$regAlim==2|novospesos$regAlim==3|novospesos$regAlim==4|
novospesos$regAlim==5|novospesos$regAlim==6),11] <- NA
summary(novospesos$regAlim)

#####selecionando animais de acordo com id de
criacao #####
novospesos[which(!(novospesos$condCria==1|novospesos$condCria==6)),12] <- NA
summary(novospesos$condCria)
#removendo NAs
novospesos <- novospesos[!is.na(novospesos$regAlim),]
novospesos <- novospesos[!is.na(novospesos$condCria),]
summary(novospesos)

#####LEITURA DE DADOS GENEALOGIA
PARA DENTRO DO
R#####
arvoregenealogia <-
read.table("/home/matoss/documentos/Documentos/dissertação/DADOS/GENEALOGIA_1.
txt",sep="|",header=TRUE)
#nomeando o objeto arvore genealogica

```

```

names(arvoregenealogia)
c("id","sexo","raça","datanasc","cat.reg.animal","pnasci","propanial","fazpropnimal","ufprop
animal",
      "municipiopropanimal","criador","fazcriador","ufcriador","municipiocriador
", "tempo","tipogestac","idpai",
      "sexpai","raçapai","datnascpai","cat.reg.pai","Pnascpai","propietpai","faz
propietpai","ufpropietpai",
      "municipiopropietpai","criadorpai","fazcriadorpai","ufcriadorpai","municipi
ocriadorpai","idmãe","sexomãe",
      "raçamãe","datanascmãe","cat.reg.mãe","pnascmãe","propimãe","fazpro
pmãe","ufpropmãe","municipiopropmãe",
      "criadormãe","fazcriadormãe","ufcriadormãe","municipiocriadormãe")

```

```
#ordenando arvore genealogiaca por id
```

```
arvoregenealogia <- arvoregenealogia[order(arvoregenealogia$id),]
```

```
#####juntando objeto novos pesos
e arvoregenealogica via
```

```
merge#####
```

```
novospesosgenealogia <- merge(arvoregenealogia,novospesos,by="id")
```

```
#summary(novospesosgenealogia$criador.y)
```

```
#verificando os níveis da lista tipogestac
```

```
levels(novospesosgenealogia$tipogestac)
```

```
#atribuindo NA ao primeiro nível
```

```
levels(novospesosgenealogia$tipogestac)[1] <- NA
```

```
#verificando denovo os níveis da lista tipogestac
```

```
levels(novospesosgenealogia$tipogestac)
```

```
#atribuindo tipos de gestação de modo a que fique bem organizada
```

```
levels(novospesosgenealogia$tipogestac)[1]<-"A"
```

```
levels(novospesosgenealogia$tipogestac)[2]<-"C"
```

```
levels(novospesosgenealogia$tipogestac)[3]<-"FV"
```

```
levels(novospesosgenealogia$tipogestac)[4]<-"IA"
```

```
levels(novospesosgenealogia$tipogestac)[5]<-"MC"
```

```
levels(novospesosgenealogia$tipogestac)[6]<-"MN"
```

```
levels(novospesosgenealogia$tipogestac)[7]<-"N"
```

```
levels(novospesosgenealogia$tipogestac)[8]<-"R"
```

```
levels(novospesosgenealogia$tipogestac)[9]<-"TE"
```

```
#verificando novamente os níveis de tipo de gestação
```

```
levels(novospesosgenealogia$tipogestac)
```

```
#removendo NAs
```

```
summary(novospesosgenealogia$tipogestac)
```

```
novospesosgenealogia<-novospesosgenealogia[!
```

```
is.na(novospesosgenealogia$tipogestac),]
```

```
summary(novospesosgenealogia$tipogestac)
```

```
#mudando a classe do novospesosgenealogia na linha tipo de gestação para caractere
```

```
class(novospesosgenealogia$tipogestac)
```

```
novospesosgenealogia$tipogestac <- as.character(novospesosgenealogia$tipogestac)
```

```
class(novospesosgenealogia$tipogestac)
```

```
names(novospesosgenealogia)
```

```
#####seleção de animais com somente tipo de gestação
(IA, MN,
MC)#####
novospesosgenealogia[which(!(novospesosgenealogia$tipogestac=="IA"|
novospesosgenealogia$tipogestac=="MN"|novospesosgenealogia$tipogestac=="MC")),16]
<- NA
#novospesosgenealogia <- novospesosgenealogia[novospesosgenealogia[,25]=="A"|
novospesosgenealogia[,25]=="IA"|novospesosgenealogia[,25]=="MN"|
novospesosgenealogia[,25]=="MC"|novospesosgenealogia[,25]=="C"|
novospesosgenealogia[,25]=="N",]
summary(as.factor(novospesosgenealogia$tipogestac))
#removendo NAs
novospesosgenealogia<-novospesosgenealogia[!
is.na(novospesosgenealogia$tipogestac),]
summary(as.factor(novospesosgenealogia$tipogestac))
#####
#####transformando as datas no formato
data#####
novospesosgenealogia$datanasc<as.Date(novospesosgenealogia$datanasc,format="%d/
%m/%Y")
#####formatando ano de nascimento para o
formato
ano#####
novospesosgenealogia$anonasc <- format(novospesosgenealogia$datanasc,"%Y")

#####formatando mes de
nascimento para o formato
mês#####
novospesosgenealogia$mesnasc <- format(novospesosgenealogia$datanasc,"%m")

#formação estação de epoca de nascimento seca e aguas
novospesosgenealogia$estcnasc<-
ifelse(as.numeric(novospesosgenealogia$mesnasc)>=4&
as.numeric(novospesosgenealogia$mesnasc) <= 9,"seca","aguas")

head(novospesosgenealogia)
#####
#####junção de grupos de contemporaneo criador e fazenda do
criador#####
####
novospesosgenealogia$criadorfazenda<paste(novospesosgenealogia$criador,novospeso
sgenealogia$fazcriador,sep="")

#selecionando colunas importantes como banco de dado principal
novospesosgenealogia
subset(novospesosgenealogia,select=c(id,sexo,anonasc,estcnasc,criadorfazenda,pbruto2
05,pbruto365,pbruto550,
p205ajust,p365ajust,p550ajust,GPD205,GPD365,GPD550,idmãe))
summary(novospesosgenealogia)
#####
<-
```

cálculo dos pesos metabólicos encima dos pesos

brutos#####

```
novospesosgenealogia$pmr205 <- novospesosgenealogia$pbruto205^0.75
```

```
novospesosgenealogia$pmr365 <- novospesosgenealogia$pbruto365^0.75
```

```
novospesosgenealogia$pmr550 <- novospesosgenealogia$pbruto550^0.75
```

#####cálculo dos peso metabólicos por cima dos pesos
ajustados#####

```
novospesosgenealogia$pmajust205 <- novospesosgenealogia$p205ajust^0.75
```

```
novospesosgenealogia$pmajust365 <- novospesosgenealogia$p365ajust^0.75
```

```
novospesosgenealogia$pmajust550 <- novospesosgenealogia$p550ajust^0.75
```

```
summary(novospesosgenealogia)
```

#####cálculo de índice de

kleiber#####

```
novospesosgenealogia$IK205<(novospesosgenealogia$GPD205/novospesosgenealogia$  
pmajust205)*100
```

```
novospesosgenealogia$IK365<-
```

```
(novospesosgenealogia$GPD365/novospesosgenealogia$pmajust365)*100
```

```
novospesosgenealogia$IK550<-
```

```
(novospesosgenealogia$GPD550/novospesosgenealogia$pmajust550)*100
```

```
summary(novospesosgenealogia)
```

#####gráficos para índice de

Kleiber#####

#####

```
qqnorm(novospesosgenealogia$IK205);qqline(novospesosgenealogia$IK205,col=22)
```

```
hist(novospesosgenealogia$IK205)
```

```
qqnorm(novospesosgenealogia$IK365);qqline(novospesosgenealogia$IK365,col=23)
```

```
hist(novospesosgenealogia$IK365)
```

```
qqnorm(novospesosgenealogia$IK550);qqline(novospesosgenealogia$IK550,col=24)
```

```
hist(novospesosgenealogia$IK550)
```

#####

```
#kleibgmd<-
```

```
subset(novospesosgenealogia,select=c(id,sexo,anonasc,estcnasc,criadorfazenda,p205aju  
st,p365ajust,p550ajust,GPD205,GPD365,GPD550,IK205,IK365,IK550,idmãe))
```

```
#summary(kleibgmd)
```

```
pmreaispajustados<-subset(novospesosgenealogia,select=
```

```
c(id,sexo,anonasc,estcnasc,criadorfazenda,p205ajust,p365ajust,p550ajust,
```

```
pmr205,pmr365,pmr550,idmãe))
```

```
summary(pmreaispajustados)
```

#####Formação de grupos de

contemporâneo#####

#####

```
#class(kleibgmd)
```

```

#kleibgmd$GC
paste(kleibgmd$sexo,kleibgmd$anonasc,kleibgmd$estcnasc,kleibgmd$criadorfazenda,sep="")
#class(kleibgmd$GC)

class(pmreaispajustados)
pmreaispajustados$GC<paste(pmreaispajustados$sexo,pmreaispajustados$anonasc,pmreaispajustados$estcnasc,pmreaispajustados$criadorfazenda,sep="")
class(pmreaispajustados$GC)

#####testando os grupos
contemporaneos#####
#construindo data frame com tabela de frequência para cada combinação de GC
#matos <- as.data.frame(table(kleibgmd$GC))
manuel <- as.data.frame(table(pmreaispajustados$GC))
#nomeando a tabela de frequência
#names(matos) <- c("GC","n")
names(manuel) <- c("GC","n")
#verificando a frequência para cada GC
#table(matos$GC)
table(manuel$GC)

#summary(matos$n)
summary(manuel$n)
#####eliminando GC com menos de 3
elementos#####
#matos <- matos[matos$n >= 3,]
#matos <- unique(matos)
#matos <- data.frame(matos$GC,GCC=1:1923)
#names(matos) <- c("GC","GCC")
#head(matos)
#summary(matos)
manuel <- manuel[manuel$n >= 3,]
manuel <- unique(manuel)
manuel <- data.frame(manuel$GC,GCC=1:1923)
names(manuel) <- c("GC","GCC")
head(manuel)
summary(manuel)

#juntando o meu banco de dados e GC trabalhado
#matos <- merge(kleibgmd,matos,by = "GC")
manuel <- merge(pmreaispajustados,manuel,by = "GC")
#ordenando o meu banco de dados por id e GC
#matos <- matos[order(matos$id,matos$GC),]
manuel <- manuel[order(manuel$id,manuel$GC),]
#retirando os animais duplicados
#matos <- matos[!duplicated(matos$id),]
manuel <- manuel[!duplicated(manuel$id),]

```

```
#####selecionando colunas de
interesse#####
```

```
#matos<-subset(matos,select
c(id,GC,p205ajust,p365ajust,p550ajust,GPD205,GPD365,GPD550,IK205,IK365,IK550,idm
ãe))
#matos<-
subset(matos,select=c(id,p205ajust,p365ajust,p550ajust,GPD205,GPD365,GPD550,IK20
5,IK365,IK550,GCC))
#summary(matos)
manuel<-
subset(manuel,select=c(id,p205ajust,p365ajust,p550ajust,pmr205,pmr365,pmr550,GCC))
summary(manuel)
```