

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JULIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL

**MODELOS DE ANÁLISE DE DADOS DE PROVAS DE GANHO EM
PESO DE BOVINOS DA RAÇA NELORE.**

Braz Costa de Oliveira Junior
Médico Veterinário

JABOTICABAL - SÃO PAULO - BRASIL
Julho de 2009

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JULIO DE MESQUITA FILHO”

FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS

CÂMPUS DE JABOTICABAL

**MODELOS DE ANÁLISE DE DADOS DE PROVAS DE GANHO EM
PESO DE BOVINOS DA RAÇA NELORE.**

Braz Costa de Oliveira Junior

Orientador: Prof^a. Dra. Lúcia Galvão de Albuquerque

Co-Orientador: Pqc. Dr^a. Maria Eugênia Zerlotti Mercadante

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

JABOTICABAL - SÃO PAULO - BRASIL

Julho de 2009

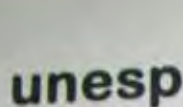
O.48m Oliveira Junior, Braz Costa
Modelos de análise de dados de provas de ganho em peso de
bovinos da raça Nelore / Braz Costa de Oliveira Junior. --
Jaboticabal, 2009
xi, 60 f.; 28 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista,
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2009
Orientadora: Lúcia Galvão de Albuquerque
Banca examinadora: Maria Eugênia Zerlotti Mercadante, Danísio
Prado Munari, Lenira El Faro Zadra
Bibliografia

1. Componentes de variância. 2. Gado de corte. 3. Herdabilidade.
4. Nelore I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e
Veterinárias.

CDU 636.2:636.082

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



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



CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: MODELOS DE ANÁLISE DE DADOS DE PROVAS DE GANHO EM PESO DE BOVINOS DA RAÇA NELORE.

AUTOR: BRAZ COSTA DE OLIVEIRA JUNIOR

ORIENTADORA: Dra. LUCIA GALVÃO DE ALBUQUERQUE

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

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

Maria Eugênia Z. Mercadante
Dra. MARIA EUGÊNIA ZERLOTTI MERCADANTE

Danísio Prado Munari
Dr. DANÍSIO PRADO MUNARI

Lenira El Faro Zadra
Dra. LENIRA EL FARO ZADRA

Data da realização: 31 de julho de 2009.

Maria Eugênia Z. Mercadante
Presidente da Comissão Examinadora
Dra. MARIA EUGÊNIA ZERLOTTI MERCADANTE
Co-Orientadora no exercício da orientação

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

BRAZ COSTA DE OLIVEIRA JUNIOR, filho de Braz Costa de Oliveira e Marlene Dias de Oliveira, nasceu em Avaré, São Paulo, aos 14 de novembro de 1980. Em março de 2002 ingressou na Universidade Estadual de Londrina, Paraná, onde colou grau de Médico Veterinário em dezembro de 2006. Tendo sido logo em seguida convidado pela CAPTA Bovinos de Corte – Centro Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios para ser bolsista em treinamento técnico na área de Melhoramento Genético de Bovinos de Corte, em agosto de 2007 ingressou no curso de pós-graduação da FCAV (Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária) - Unesp/Jaboticabal, para se habilitar ao Título de Mestre em Genética e Melhoramento Animal. A partir de então integrou a equipe da CATI (Coordenadoria de Assistência Técnica Integral), da Secretaria da Agricultura do Estado de São Paulo, em Birigui, SP, onde trabalha desde novembro de 2008.

As grandes obras são executadas não pela força, mas pela perseverança.

Samuel Johnson

A vida só pode ser compreendida olhando para trás,

mas deve ser vivida olhando para frente.

Kierkegaard

DEDICATÓRIA

Este trabalho é dedicado a todos os criadores de gado bovino que no decorrer dos séculos ajudaram a desbravar, colonizar e a caracterizar nosso Brasil, com muito prazer se dedicam diariamente ao trabalho duro e honesto e algumas vezes são esquecidos, e que estão sempre à procura do melhoramento do rebanho, para a obtenção de indivíduos produtivos, equilibrados e harmoniosos, adaptados ao ambiente próprio na parceria do Verdadeiro e Único Criador!

À família que ao longo dos dias construí: Anita Schmidek, amor da minha vida.

À família que um dia deixei: meu pai Braz (in memorian), minha mãe Marlene, irmãos Renato e Carlos Eduardo, vô Antônio e vó Ziza, bisavó Mariquinha.

À lembrança do ambiente vivido na minha infância e adolescência, na Fazenda Boa Vista, lá no Bairro dos "Costa"... onde aprendi a lidar e a gostar de gado, muito grato pelos caminhos que daí por diante se abriram para mim... até os dias de hoje.

Com Amor respeito e carinho.

PREITO DE GRATIDÃO

Devo este trabalho de dissertação a muitas pessoas e circunstâncias, em minha vida. Gostaria de salientar, no entanto, especialmente as seguintes: Foi na Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho (CAPTA Bovinos de Corte), onde estagiei e trabalhei de 2007 a 2008, como bolsista, que tive a oportunidade de pensar mais concretamente no curso de mestrado e onde pude comprovar, na prática, a consistência deste trabalho de Dissertação: ao Centro APTA Bovinos de Corte, antigo Instituto de Zootecnia de Sertãozinho, aos colegas de trabalho, a todos os funcionários, e aos criadores com os quais tive oportunidade de conviver e à Fazenda como um todo, pelo que ela me representou: aprendizado, renovação e estímulo, muito obrigado! Aos pesquisadores e grandes amigos: Maria Eugênia Zerlotti Mercadante, minha amiga e Co-orientadora que esteve sempre pronta e disponível para me receber, desde a primeira vez que estive na EEZS, em 2006, ocasião em que lá estagiei, e em 2007, quando decidi ingressar no mestrado na FCAV- UNESP de Jaboticabal; Alexander George Razook, homem pelo qual tenho sincera e muita admiração, pela dedicação aos rebanhos da EEZS, que sem ele não teriam conquistado o respeito e reconhecimento de todos os criadores que conhecem os animais da EEZS. Este que me “deu” muito aprendizado e sabedoria com relação ao melhoramento animal e, em especial, à minha grande paixão “seleção de bovinos de corte”, além da força em continuar firme e forte nos estudos. Obrigado Mestre!!!; Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva, que além orientador no meu primeiro trabalho como melhorista, ainda na época de bolsista, é meu grande amigo e me deu muito apoio nesta “empreitada”... Valeu Augusto!; Fabio outro parceiro em muitas situações na EEZS. E aí companheiro!; Joslaine; Leopoldo, Luiz Bonilha, Ana Regina, Sara, Renata; Prof^a Lúcia Galvão de Albuquerque, minha orientadora que sempre me auxiliou nos momentos de dúvidas. A ela sou grato pela oportunidade de trabalhar no tema do meu interesse e fazer parte de uma das últimas alças da moderna locomotiva do melhoramento animal à qual me agarrei prontamente. Pelos ensinamentos e diversas oportunidades de crescimento pessoal, como Professora, e pelo apoio, confiança, estímulo e conselhos, como Orientadora, obrigado, Prof^a Lúcia! E aos demais professores responsáveis pela

maior riqueza a mim oferecida, o conhecimento. Aos grandes amigos de pós-graduação, em especial a Anita, Fernando, Michel, Diego Barrozo, Dimas, Daví, Severino, Leonardo e Arione, pois sem eles não teria conquistado parte deste caminho percorrido.

Foram de muita importância os demais amigos e funcionários da EEZS, que sem eles nenhum projeto poderia ser levado adiante. De mãos dadas, atravessando campinas, montanhas, cerrados e matas... com sol, chuva, calor ou frio: foi assim que caminhamos juntos: eu e minha noiva e companheira, Anita. Vencemos juntos muitos desafios! Em todos os momentos, você foi para mim a fonte de esperança e de confiança na vitória! Que Deus te abençoe e a recompense pelas dificuldades às quais foi submetida por minha causa. A todos o meu reconhecimento e gratidão!

Também todos os meus familiares em especial meu pai e minha mãe, Anita, Vô Tonho, Vó Ziza, Renato, Dú, Vó Mariquinha, Lívia, Jussara, Tio Tarso, Tia Jô, Tio Nenê, Vera, Tia Márcia, Paulo, Werner, Helena, Manulela, Adi, Lalo, Kika, Cako, Lino, Tarsinho, Tiago, Gustavo, Maitê e Jaqueline, pelo amor, carinho, paciência, estímulo e confiança.

AGRADECIMENTOS

Ao CAPTA (Centro da Agência Paulista de Tecnologia do Agronegócio) Bovinos de Corte e FCAV (Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária) - Unesp/Jaboticabal, pela oportunidade de realização deste curso.

À Associação Brasileira dos Criadores de Zebu, pela oportunidade da experiência de vida e de trabalho.

À Financiadora de Estudos e Projetos, FAPESP (Projeto FAPESP Ref.: 07/57916-6), pelo apoio financeiro concedido ao Projeto e pela bolsa de estudos. Esta bolsa foi imprescindível para que eu pudesse chegar até aqui.

À Comissão de Pós-Graduação, na pessoa do Profa. Lúcia Galvão de Albuquerque, pelo apoio, neste período, e muito especialmente à CAPES, pela primeira bolsa de estudos concedida a partir de setembro de 2007. Esta bolsa foi imprescindível para que eu pudesse chegar até aqui.

Em especial sou grato aos funcionários da EEZS, que me ajudaram durante o período de moradia na EEZS.

Aos Professores que tive durante este curso: Lúcia, Vera, Mateus, Sandra, Danísio, João Ademir, Adhemar, Marcílio, Gianolla, Maurício, não só pelos ensinamentos, mas também pelas críticas e sugestões, além da amizade.

Gostaria de registrar ainda meu agradecimento à Prof^a. Lúcia e ao Programa de Genética e Melhoramento Animal sob sua coordenação, pelo que pude aprender de várias palestras e cursos extra curriculares promovidos no Departamento. Grato então a todos, por isto, especialmente a, Humberto Tonhati e Euclides B. Malheiros.

A todo o Departamento de Genética e Melhoramento Animal, funcionários e alunos, pelas facilidades oferecidas, pelo convívio e amizade.

A todos os criadores que participaram deste trabalho, enviando animais para a Prova e Ganho em Peso da EEZS.

Aos colegas de luta do Departamento de Genética e Melhoramento Animal, pela proveitosa, alegre e positiva convivência: Dimas, Daví, Henry, Diego Barrozo, Diego Guidolin, Leonardo, Carla, Milena, Arione, Anaíza, Luciana, Mônica, Márcio, Marcos, Michel, Vanessa, Denise.

Aos membros da minha Banca Examinadora de defesa e qualificação, com os quais tive o privilégio de contar mesmo antes de saber de suas indicações oficiais pelo Conselho de Pós-graduação: Lúcia Galvão de Albuquerque, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante, Danísio Prado Munari e Lenira El Faro Zadra. Grato a todos, pela cordialidade com que me atenderam. Suas críticas e sugestões foram valiosas.

A todos e a tantos outros que de uma forma ou de outra contribuíram para a concretização deste trabalho: MUITO OBRIGADO!

SUMÁRIO

RESUMO	1
SUMMARY	3
CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS	5
CAPÍTULO 2. PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS OBTIDAS EM PROVAS DE GANHO EM PESO ENTRE REBANHOS UTILIZANDO MODELOS DE DIMENSÃO FINITA	16
CAPÍTULO 3. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESOS EM PROVA DE GANHO EM PESO EM BOVINOS DA RAÇA NELORE UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA	34
CAPÍTULO 4. CONSIDERAÇÕES FINAIS	58

MODELOS DE ANÁLISE DE DADOS DE PROVAS DE GANHO EM PESO DE BOVINOS DA RAÇA NELORE

RESUMO - Este trabalho foi realizado com o objetivo de estudar diferentes modelos de análise de dados de prova de ganho em peso (PGP) em confinamento, visando aumento na resposta à seleção pela inclusão de informações de parentesco nas estimativas dos parâmetros genéticos, assim como na acurácia dos valores genéticos estimados e na classificação final dos animais. As características analisadas foram o peso ao final da PGP (P378), o ganho em peso após o período de adaptação (G112), um índice considerando P378 e G112 (IPGP), além do peso inicial e dois pesos intermediários. Foram utilizadas 18.825 mensurações de pesos de 4.758 animais. Os modelos de dimensão finita considerados incluíram os efeitos fixos de mês e ano de nascimento (1977 a 2006) e classe de idade da mãe ao parto (2 a ≥ 12 anos), além do efeito linear da idade do animal no início da PGP como covariável. Quanto aos efeitos genéticos, foram considerados dois modelos, um só com o efeito genético direto e outro incluindo o efeito de ambiente permanente materno. Os modelos de regressão aleatória incluíram, como aleatórios, os efeitos genéticos aditivos direto, de ambiente permanente direto e materno e, como fixos, os efeitos de grupo de contemporâneos, a classe de idade da vaca ao parto e o polinômio ortogonal de Legendre da idade do animal (regressão quadrática), como covariáveis. Para comparar os resultados obtidos pelos modelos de regressão aleatória, foram conduzidas análises multicaracterísticas. Um total de 13 modelos de regressão aleatória, aplicando polinômios de segunda a quinta ordem foram considerados para modelar os efeitos genéticos aditivos direto e de ambiente permanente direto e materno. O resíduo foi modelado considerando 1, 3, 4, 6 e 9 classes de variâncias. O modelo contendo 4 classes de variâncias foi o que melhor descreveu o comportamento da trajetória para o efeito residual ao longo do crescimento. O modelo que considerou polinômios de Legendre de terceira e quinta ordem para os efeitos genético direto e de ambiente permanente direto, respectivamente, e de segunda ordem para o efeito de ambiente permanente materno, foi suficiente para modelar as mudanças das variâncias do peso com a idade dos animais. As estimativas de herdabilidade para P378 foram superiores às do G112 e IPGP, e não diferiram entre análises uni e multicaracterísticas. As estimativas de herdabilidade do efeito genético direto obtidas por modelos de regressão aleatória seguiram tendência semelhante daquelas obtidas pela análise multicaracterísticas. As estimativas de correlação genética direta obtidas por modelos de regressão aleatória entre pesos na PGP foram altas e levemente superiores às obtidas utilizando análise multicaracterísticas. Os dois melhores modelos de regressão aleatória, segundo os critérios de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC), apresentaram estimativas de variâncias e parâmetros genéticos semelhantes aos obtidos utilizando um modelo multicaracterísticas. Os pesos durante a PGP possuem variação genética aditiva que

permite responder à seleção (de acordo com os componentes de variância estimados com modelos de regressão aleatória ou análises uni e multicaracterísticas). A inclusão do parentesco nas análises aumentou a acurácia dos valores genéticos estimados para as características usadas na classificação final dos animais (P378 e IPGP) relativamente à acurácia da estimativa do valor genético utilizando-se apenas o desempenho próprio. Ocorreu pouca modificação na classificação de todos os animais, dentro de um determinado ano, mas houve modificação grande na classificação dos animais quando a proporção de selecionados foi 5%, 10% e 20%.

Palavras chaves: componentes de variância, gado de corte, herdabilidade, Nelore, teste de desempenho

MODELS FOR ANALYSIS OF WEIGHT GAIN PERFORMANCE TEST DATA IN NELORE CATTLE

SUMMARY - This work was carried through with the objective of study different analysis forms of datasets regarding weight gain test (PGP) in feedlot, aiming improve in selection response through the inclusion of kinship information on estimates of genetic parameters, as well as in the estimated breeding values accuracy and in the final classification of the animals. We analyzed the characteristics weight at the end of PGP (P378), the weight gain after adaptation period (G112), an index considering P378 and G112 (IPGP), as well as the initial weight and two intermediate weights. 18,825 records of weights from 4.758 animals had been used. The considered models of finite dimension had included the fixed effects of year of birth (1977 to 2006) and cow age at birth class ($2 \geq 12$ years), as well as the linear effect of the age of the animal at the PGP beginning as covariate. In spite the genetic analyses, we considered two models: one only with the direct genetic effect and another one including the maternal permanent environment effect. The random regression models included, as random, the additive direct genetic effect, the permanent direct and maternal environment effect, and, as fixed effects, the contemporary group, age of cow at birth class and the Legendre orthogonal polynomial of the animal age (quadratic regression), as covariates. In order to compare the achieved results for the models of random regression, we precede multicharacteristic analysis. A total of 15 models of random regression, applying polynomials of second to fifth order had been considered to fit the additive direct genetic effect and direct and maternal permanent environment effects. The residual was fitted considering 1, 3, 4, 6 and 9 variance classes. The model containing 4 variance classes was the ones that better described the trajectory for the residual effect behavior throughout the growth. The model that considered Legendre polynomials of third and fifth order for the direct genetic effect and of direct permanent environment, respectively, and of second order for the maternal permanent environment effect, was enough to fit the weight changes along the age of the animals. The heritability estimates for P378 had been higher to the ones of G112 and IPGP, and they did not differ between single or multicharacteristics. The heritability estimates of the direct genetic effect obtained from random regression models had followed similar trend of those obtained by the multicharacteristic analysis. The estimates of direct genetic correlation achieved by random regression models between weights in the PGP showed high and slightly higher then to the ones using multicharacteristic analysis. The random regression models had presented similar estimates of variances and of genetic parameters comparing to the ones regarding the multicharacteristic model. The weights during the PGP exhibit additive genetic variation that might respond to genetic selection when the variance

components had been estimated with random regression models or multicharacteristic analysis.

The inclusion of the kinship in the analyses increased the accuracy of the estimated genetic values for the characteristics considered in the final classification of the animals (P378 and IPGP) comparing to the accuracy obtained from the estimate of genetic values using the own performance, modifying little the classification of all the animals, one specific year, but modifying sufficiently the classification of the animals when the selected portion was 5%, 10% and 20%.

Key words: beef cattle, heritability, Nellore, performance test, variance components

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

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

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

É sabido, que a seleção para ganho em peso e maiores pesos em idades jovens é uma das formas mais promissoras de aumentar a eficiência de produção (BULLOCK et al., 1993). Auxiliares indiscutíveis nessa avaliação, as provas de ganho em peso (PGP), apesar de sua importância, ainda são pouco utilizadas no Brasil. Para alguns criadores e associações, o maior problema está no custo. Desta forma é importante o estudo de novos parâmetros genéticos que auxiliem na remodelagem das provas de desempenho, fornecendo subsídios mais acurados para a eficiência da seleção, auxiliando a redução dos custos.

As provas de desempenho em confinamento são realizadas para comparar peso e/ou ganho em peso de machos jovens de raças de corte provenientes de diferentes rebanhos, sob condições padronizadas de ambiente, com a finalidade de identificar, rapidamente, os animais geneticamente superiores para utilizá-los como futuros reprodutores em rebanhos comerciais (RAZOOK et al., 1984; LIU & MAKARECHIAN,

1993; SCHENKEL et al., 2004). É quase um consenso que as PGP tenham início após o desmame, que ocorre em média aos 7 meses de idade, e se estendam por 5 ou 6 meses (GENGLER et al., 1995; RAZOOK et al., 1997; SCHENKEL et al., 2004; NEPHAWE et al., 2006).

Apesar da disponibilidade atual de sumários de touros com DEP de características de crescimento pós-desmama, cuja acurácia pode ser bem maior que a avaliação em PGP, há trabalhos que comprovam que a herdabilidade e a correlação genética do desempenho dos machos jovens em PGP e o desempenho de suas progênies em rebanhos particulares é de média a alta magnitude (FOUILLoux et al., 2000; ERIKSSON et al., 2002). ERIKSSON et al. (2002), analisando registros de ganho em peso pós-desmama obtidos em estações de teste e em animais a campo, relataram estimativas de herdabilidade muito próximas para essas características nos dois ambientes de desempenho, sendo, respectivamente, 0,34 e 0,35 para animais Charolês e 0,35 e 0,40 para animais Hereford. O mesmo não aconteceu para os animais da raça Simental, cuja estimativa de herdabilidade foi menor (0,11) para ganho pós desmama em estações de teste que para a mesma característica a campo (0,22). A correlação genética entre os ganhos dos machos obtidos em PGP e os ganhos de machos e fêmeas a campo foram altas (0,90 para os machos e 0,80 para as fêmeas) na raça Charolês e um pouco mais baixas para Hereford e Simental (de 0,51 a 0,81).

De modo a selecionar os touros superiores entre e dentro das PGP, é necessário modelar corretamente os fatores genéticos e ambientais que contribuem para o desempenho durante o período de teste. Os efeitos de ambiente que influenciam o crescimento de bovinos de corte da desmama ao ano já foram muito bem estudados e relatados nas últimas décadas. Porém, estudos sobre os efeitos ambientais que influenciam o crescimento dos animais durante a PGP são em menor número, já que essa foi delineada para minimizar esses efeitos, com redução da variação de idade de entrada dos animais (até 90 dias) e com um período de adaptação, cujo ganho em peso é desprezado no momento da classificação dos animais.

Quanto aos efeitos genéticos, existem na literatura vários trabalhos sobre estimativas de herdabilidade do peso e do ganho em peso de bovinos Nelore da

desmama até um ano de idade. Sabe-se que até a desmama o crescimento do animal é muito influenciado pelos efeitos maternos e que essa influência diminui rapidamente após esse período. Por essa razão, o peso ao desmame apresenta, quase sempre, menores estimativas de herdabilidade direta, de 0,09 a 0,16, que o peso ao ano, de 0,17 a 0,26 (ALBUQUERQUE & MEYER, 2001a; CYRILLO et al., 2004), ou o ganho pós desmama, até um ano de idade, de 0,16 (PANETO et al., 2002). Entretanto, como ressaltado para os efeitos de ambiente, estudos sobre os efeitos genéticos que incidem sobre o crescimento dos animais durante a PGP também são em menor número.

Efeitos genéticos

Os dados de características de crescimento de animais submetidos à PGP de Sertãozinho já foram analisados com modelo de touro e foram publicados anteriormente, e RAZOOK et al. (1984), analisando dados de Nelore durante PGP, reportaram estimativas de herdabilidade menores (0,11 e 0,14) para as características de crescimento obtidas no início da PGP, como peso de entrada e ganho em peso durante os 56 dias de adaptação, do que para as características obtidas no final da PGP, como ganho em peso após o período de adaptação e o peso final ajustado para idade, com estimativas de herdabilidade de 0,54 e 0,44, respectivamente. Posteriormente, acrescentando registros de mais 10 anos de PGP, GONÇALVES et al. (1996) reportaram estimativas de herdabilidade baixa (0,17) para peso na entrada da PGP, que corresponde ao peso de desmama, e altas (de 0,39 a 0,47) para o ganho após o período de adaptação, para peso final padronizado para idade (P378), e para um índice empírico que pondera 0,4 para peso final padronizado e 0,6 para ganho após o período de adaptação.

Mais recentemente, algumas análises para avaliação dos animais em PGP têm incluído o parentesco, além do desempenho na desmama dos animais e se possível, de seus companheiros de rebanho na tentativa de diminuir o potencial efeito do rebanho de origem e aumentar a acurácia da avaliação e a classificação dos animais (SCHENKEL et al., 2004; NEPHAWA et al., 2006). Entretanto, SCHENKEL et al. (2004), com dados de peso durante PGP de bovinos de raças taurinas no Canadá, concluíram

que tanto a análise unicaracterística como a bicaracterísticas do ganho em peso após o período de adaptação, produziram estimativas similares da contribuição do rebanho de origem na variação fenotípica, o que indicou que a pré-seleção, se existente, não contribuiu para o efeito de rebanho. A estimativa de herdabilidade do ganho em peso após adaptação foi maior (0,41), em modelo sem o efeito de rebanho de origem, que para modelo incluindo esse efeito (0,35), mas essas foram similares em modelos incluindo ou não o efeito aleatório de mãe (genético e de ambiente permanente). Resultados semelhantes foram relatados por NEPHAWE et al. (2006), analisando dados obtidos em PGP com bovinos Bonsmara na África do Sul. A estimativa da contribuição do efeito de ano x rebanho de origem sobre a variação fenotípica do ganho em peso durante a PGP foi 0,09, e a herdabilidade estimada foi 0,31 em modelos incluindo os efeitos aleatórios genético aditivo, da mãe (genético e de ambiente permanente), e de ano x rebanho de origem; de 0,33 sem o efeito de mãe; e 0,40 sem o efeito de ano x rebanho de origem.

Diferente dos trabalhos acima citados, em que o desempenho em PGP foi analisado juntamente com os dados de desempenho pré-desmama, ERIKSSON et al. (2002) avaliaram o desempenho de machos em PGP com dados de ganho em peso pós-desmama, de machos e de fêmeas, obtidos a campo na Suécia. As estimativas de herdabilidade do ganho em PGP em análise unicaracterística, foram 0,34 e 0,35 para bovinos das raças Charolês e Hereford, e mais baixa (0,11) para bovinos Simental. As estimativas obtidas em análises bicaracterísticas foram superiores, principalmente quando o ganho em peso em PGP foi analisado com os dados dos machos (0,42, 0,38 e 0,16 para Charolês, Hereford e Simental, respectivamente) e, ligeiramente inferiores quando o ganho em peso em PGP foi analisado com os dados das fêmeas (0,38, 0,38 e 0,11, na mesma ordem). Os autores atribuem a baixa estimativa de herdabilidade para o Simental, ao pequeno número de dados e, conseqüentemente, o uso de um modelo sem efeito de rebanho de origem.

Para modelar características que são medidas repetidas vezes nos animais, recentemente se propôs como alternativa, a utilização das funções de covariâncias e os

modelos de regressão aleatória (MRA), (MEYER, 1998a; MEYER 1998b; DIAS et al, 2006 e SCARPEL, 2004).

Em trabalhos recentes com bovinos de corte, tem-se empregado regressão aleatória para modelar características de crescimento. Para avaliações de pesos em diferentes idades. Dentre eles destacam-se: MEYER (1998a), SCARPEL (2004) e DIAS et al. (2006). A utilização de modelos de características múltiplas em análises conjuntas de pesos ajustados às idades-padrão fornece informações sobre as relações lineares existentes entre cada par de idades, porém nenhuma inferência pode ser feita a respeito dos pesos nas idades intermediárias. Por outro lado, os modelos de regressão aleatória permitem a predição de valores genéticos para a curva de crescimento como um todo, para qualquer idade desejada.

Como os MRA têm sido apresentados como alternativas para a avaliação de dados longitudinais em melhoramento animal (MEYER, 1998a; ALBUQUERQUE & MEYER, 2001b), a avaliação desse tipo de dados é possível aplicando-se modelos de dimensão infinita, na qual a estrutura de covariâncias é modelada por funções contínuas, denominadas funções de covariâncias. Análises do desempenho de bovinos em PGP por MRA parecem ser mais precisas que modelos multicaracterísticas devido ao ajuste das medidas e variâncias para a idade (PRIBYL et al., 2004). Além disso, as análises desses dados por MRA permitem estudar a trajetória dos parâmetros genéticos e ambientais do ganho acumulado em confinamento no decorrer do período de teste, mesmo em bancos de dados relativamente pequenos, e essas informações são úteis para acessar o impacto dos fatores genéticos e de ambiente no decorrer da PGP (SCHENKEL et al., 2002; PRIBYL et al., 2006; RILEY et al., 2007).

SCHENKEL et al. (2002), utilizando MRA, analisaram pesos de bovinos de raças taurinas em PGP no Canadá, com polinômios Legendre dos dias em teste para ajustar os efeitos fixos e aleatórios. Os resultados obtidos por MRA foram comparados aos obtidos com o modelo de duas etapas, em que o ganho em peso diário de cada animal após 28 dias de adaptação é estimado por regressão linear e multiplicado pelo número de dias em teste. As estimativas de herdabilidade, do peso a cada 28 dias, obtidas por MRA, aumentaram de 0,32 a 0,40 do início ao final da PGP, assim como as estimativas

de herdabilidade do ganho em peso acumulado até os 140 dias de PGP, que aumentaram de 0,14 a 0,38; sendo a estimativa de herdabilidade do ganho nos últimos 112 dias de PGP, característica que é geralmente usada para classificar os animais no Brasil, igual a 0,33. As estimativas de herdabilidade para o ganho em peso acumulado, obtidas com o modelo de duas etapas (de 0,15 a 0,38 do início ao final da PGP), não diferiram, substancialmente, daquelas obtidas por MRA. Os autores ressaltaram que são necessários mais estudos para avaliar a vantagem da utilização de MRA para analisar o desempenho em PGP, e concluíram que os resultados não provaram a superioridade deste sobre o modelo de duas etapas, mas foram sugestivos.

Ajustando o peso de garrotes castrados e novilhas da raça Brahman em confinamento por 170 dias também com MRA, RILEY et al. (2007), modelaram as trajetórias da variância de ambiente permanente com um polinômio de quarto grau, da variância genética aditiva com um polinômio linear e da variância residual com um polinômio de quarto grau. As estimativas de herdabilidade dos pesos obtidos no confinamento a cada 28 dias foram de 0,31 no início e de 0,51 no final.

Apesar da existência de alguns trabalhos na literatura científica sobre as características de crescimento obtidas em PGP, ressalta-se o pequeno número, utilizando dados de animais da raça Nelore com as metodologias de análises disponíveis, que podem fornecer subsídios para a análise e classificação dos animais nas PGP realizadas atualmente no Brasil.

Valores Genéticos

Uma vez que a finalidade da PGP é identificar animais geneticamente superiores para ganho em peso, a correta classificação dos animais ao final dessa, de acordo com o valor genético para ganho em peso, certamente concorrerá para aumentar a resposta à seleção. Em alguns dos trabalhos citados anteriormente, a classificação dos animais foi analisada e comparada entre diferentes metodologias de análise dos dados.

NEPHAWE et al. (2006) relataram que a classificação dos animais ao final da PGP foi alterada em modelo multicaracterísticas considerando ou não o efeito do rebanho de origem na análise do ganho em peso. A correlação entre as classificações

foi 0,86 para os 1% melhores animais, e a recomendação é que o efeito de rebanho seja considerado em uma análise multicaracterística, juntamente com dados do período pré-desmama.

SCHENKEL et al. (2002) também compararam a classificação dos animais quando os valores genéticos foram estimados por MRA e pelo modelo de duas etapas, descrito anteriormente, e observaram que a correlação entre as classificações foi bem alta (0,98) quando foram considerados todos os animais. Entretanto, essas correlações foram mais baixas, de 0,88, 0,84 e 0,73, quando foram considerados os 20, 5 e 1% melhores animais, respectivamente, indicando uma reclassificação, especialmente entre os melhores animais. Dos 1% melhores animais, 20% daqueles selecionados com base no valor genético estimado por MRA não seriam selecionados com base no valor genético estimado no modelo de duas etapas. Como as herdabilidades estimadas pelos dois modelos foram similares, essas diferenças nas estimativas dos valores genéticos podem ser devidas às diferenças nos dois modelos, já que, com MRA é possível ajustar os efeitos de ambiente permanente do indivíduo e os efeitos residuais para cada peso ou ganho, enquanto que com o modelo de duas etapas isso não é possível.

Como comprovado pela literatura citada, há poucos trabalhos sobre a análise dos dados de PGP nas raças indianas, que possam dar subsídios para a avaliação genética dos animais submetidos a PGP no Brasil. Os resultados da análise dos dados históricos das PGP realizadas no Centro de Pesquisa em Pecuária de Corte do Instituto de Zootecnia (CPPC/IZ), com modelos unicaracterística, multicaracterísticas e de regressão aleatória trouxeram informações importantes que podem auxiliar em um maior entendimento dos efeitos que incidem nos desempenhos dos animais durante esse período. Esse conhecimento pode levar ao aumento da acurácia da classificação dos animais participantes de PGP no Brasil.

Objetivos

O objetivo geral proposto neste trabalho foi estudar diferentes modelos de análise de dados de provas de ganho em peso em confinamento, visando o aumento da resposta à seleção.

Os objetivos específicos foram:

- Estimar componentes de covariância e parâmetros genéticos para os pesos, ganho de peso de tourinhos jovens durante a prova de desempenho em confinamento, por meio de análises uni, multicaracterísticas e de regressão aleatória, incluindo as informações de parentesco disponíveis.
- Comparar os modelos de dimensão finita e de regressão aleatória.
- Aplicar diferentes estruturas de variâncias residuais, buscando modelos menos parametrizados.
- Avaliar diferentes modelos de regressão aleatória, utilizando diferentes ordens para ajuste dos efeitos aleatórios considerados.
- Comparar a classificação dos animais avaliados pelo desempenho próprio durante a PGP, com os valores genéticos obtidos com diferentes modelos.

Referências Bibliográficas

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

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

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

CYRILLO, J.N.S.G.; ALENCAR, M.M.; RAZOOK, A.G. et al. Modelagem e estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos para pesos do nascimento ao momento da seleção (378 dias) de machos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.1405-1415, 2004.

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

ERIKSSON, S.; NÄSHOLM, A.; JOHANSSON, K. et al. Genetic analysis of post-weaning gain of Swedish beef cattle recorded under field conditions and at station performance testing. **Livestock Production Science**, v.76, p.91-101, 2002.

FOUILLoux, M. N.; RENAND G.; GAILLARD J. et al. Genetic correlation estimation between artificial insemination sire performances and their progeny beef traits both measured in test stations. **Genetic Selection Evolution**, v 32, p. 483-499, 2000.

GENGLER, N.; SEUTIN, C.; BOONEN, F. et al. Estimation of genetic parameters for growth, feed consumption, and conformation traits for double-muscle Belgian Blue bulls performance-tested in Belgium. **Journal of Animal Science**, v.73, p.3269-3273, 1995.

GONÇALVES, J. N S.; FIGUEIREDO, L. A.; RAZOOK, A. G. et al. Prova de ganho de peso de Sertãozinho: efeitos genéticos e de ambiente sobre características de crescimento In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33. 1996, Fortaleza. **Anais...** Fortaleza, Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1996. p.121-123.

LIU, M.F.; MAKARECHIAN, M. Factors influencing growth performance of beef bulls in a test station. **Journal of Animal Science**, v. 71, n.5, p.1123-1127, 1993.

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

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

NEPHAWE, K.A.; MAIAWASHE, A.; THERON, H.E. The effect do herd of origin by year on post-weaning traits of young beef bulls at centralized testing centres in South Africa. **South Africa Journal of Animal Science**, v.31, p.33-39, 2006.

PANETO, J.C.C.; LEMOS, D.C.; BEZERRA, L.A.F. et al. Estudo de características quantitativas de crescimento dos 120 aos 550 dias de idade em gado Nelore . **Revista Brasileira de Zootecnia**, vol.31, n.2, p.668-674, 2002.

PRIBYL, J.; PRIBYLOVA, J.; VOSTRY, L. et al. Breeding value for own growth of beef bulls in performance-test station. **Animal Science Papers and Reports**, v.22,n.2, p.97-103, 2004.

RAZOOK, A.G.; PACKER, I.U.; TROVO, J.B.F. et al. Novas provas de ganho de peso de Sertãozinho. II. Influências de meio e herança na seleção de um rebanho de bovinos Nelore. **Boletim Indústria Animal**, n.41, p 25-33., 1984.

RAZOOK, A.G., FIGUEIREDO, L.A., CYRILLO, J.N.S.G. et al. 1997. Prova de ganho de peso. Normas adotadas pela Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho. Instituto de Zootecnia. **Boletim técnico** n.40, 33 p., 1997.

RILEY, D. G.; COLEMAN, S.W.; CHASE JR, C. C. et al. Genetic parameters for body weight, hip height, and the ratio of weight to hip height from random regression analysis of Brahman feedlot cattle. **Journal of Animal Science**, v.85, p.42-52, 2007.

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

SCHENKEL, F.S.; MILLER, S.P.; JAMROZIK, J. et al. Two-step and random regression analyses of weight gain of station-tested beef bulls. **Journal of Animal Science**, v.80, p.1497-1507, 2002.

SCHENKEL, F.S.; MILLER, S.P.; WILTON, J.W. Herd of origin effect on weight gain of station-tested beef bulls **Livestock Production Science**, v.86, p.93-103, 2004.

CAPÍTULO 2. PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS OBTIDAS EM PROVAS DE GANHO EM PESO ENTRE REBANHOS, UTILIZANDO MODELOS DE DIMENSÃO FINITA

Resumo: O objetivo deste trabalho foi verificar a inclusão de informações de parentesco nas estimativas dos parâmetros genéticos, na acurácia dos valores genéticos estimados e na classificação final dos animais para características obtidas em prova de ganho de peso (PGP). Foram analisados o peso ao final da PGP, padronizado para 378 dias de idade (P378), o ganho em peso após o período de adaptação (G112), e um índice (IPGP) considerando o P378 e o G112, além do peso inicial e dois pesos intermediários. Os dados foram provenientes de 4.758 machos Nelore, participantes da PGP do Centro de Pesquisa em Pecuária de Corte do Instituto de Zootecnia. Os modelos considerados incluíram os efeitos fixos de mês e ano de nascimento (1977 a 2006) e classe de idade da mãe ao parto (2 a ≥ 12 anos), além do efeito linear da idade do animal no início da PGP como co-variável. Quanto aos efeitos aleatórios nas análises genéticas, foram considerados dois modelos, um só com o efeito genético direto e outro incluindo o efeito de ambiente permanente materno. Os componentes de variância foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita em análises uni e multicaracterísticas, essas últimas com o peso de entrada e dois pesos intermediários. A proporção da variância total devido ao efeito de ambiente permanente materno foi relativamente baixa para o P378 e nula para G112 e IPGP. As estimativas de herdabilidade para P378 foram superiores às do G112 e IPGP, e não diferiram entre análises uni e multicaracterísticas. A inclusão do parentesco nas análises aumentou a acurácia dos valores genéticos estimados para as características usadas na classificação final dos animais (P378 e IPGP) em comparação à acurácia da estimativa do valor genético utilizando-se o desempenho próprio, modificando pouco a classificação de todos os animais dentro de um determinado ano (correlação=0,72 a

0,85), mas modificando bastante a classificação (correlação=0,20 a 0,61) dos animais quando a porção selecionada foi de 20 e 10%.

Palavras-chave: teste de desempenho, componentes de variância, gado de corte, herdabilidade, Nelore

Introdução

Pesos ou ganhos em peso em determinadas idades são características consideradas como critérios de seleção em quase todos os programas de melhoramento de bovinos de corte por serem de fácil obtenção, apresentarem boa acurácia e alta correlação com o peso da carcaça (RAZOOK et al., 2001). Nas duas últimas décadas, vários programas de avaliação genética foram implementados no Brasil, para diversas raças bovinas de corte. Esses programas, geralmente, disponibilizam DEP (Diferença Esperada na Progenie), direta e/ou materna, para características de crescimento, reprodutivas e morfológicas, e a cada ano o número de animais avaliados cresce substancialmente. A raça Nelore, que representa o maior efetivo de bovinos do Brasil tem, atualmente, vários programas de melhoramento genético, cada um com um sumário de touros publicado.

Os testes de desempenho individual, ou provas de ganho em peso (PGP), permitem comparar tourinhos de corte provenientes de diferentes rebanhos, sob condições padronizadas de ambiente, para identificar os animais geneticamente superiores para peso e/ou ganho em peso, a fim de utilizá-los como futuros reprodutores em rebanhos comerciais (LIU & MAKARECHIAN, 1993). As PGP foram introduzidas no Brasil na década de 50 e, apesar da relativa abrangência desses testes perante o efetivo bovino brasileiro e, da grande disponibilidade de informações de avaliação genética nos vários sumários da raça Nelore, as PGP continuam a ser realizadas no Brasil. Só em 2006 foram realizadas 49 PGP em confinamento, oficializadas pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu, com cerca de 1.500 animais avaliados (Informação Pessoal, ABCZ). Este fato ocorre também em países como África do Sul (NEPHAWE et al., 2006), Canadá (SCHENKEL et al., 2004), EUA (<http://www.ansi.okstate.edu/>, por exemplo), França (FOUILLoux et al., 2000) e República Tcheca (PRIBYL et al., 2006), onde as PGP continuam a ser realizadas, mesmo com a disponibilidade de informações mais abrangentes como DEP dos animais jovens, estimadas a partir de grandes bancos de dados.

Em adição à função primária de avaliar tourinhos para desempenho pós-desmame, as PGP tem capacidade de educar, tanto criadores de gado puro como de gado comercial, sobre o valor e a utilização de registros de desempenho e diferenças esperadas na progênie, além de fornecer a oportunidade para novos criadores introduzir em seus programas de seleção para potenciais consumidores (ERIKSSON et al., 2002; BIF, 2002; PRIBYL et al., 2004). Além disso, há evidências que a correlação genética entre o desempenho próprio em ganho de peso dos touros testados em PGP e de suas progênies em PGP ou a campo é de média a alta magnitude (0,51 a 0,90), sugerindo que a seleção dos melhores touros ao final da PGP pode ser eficiente para melhorar características de crescimento das progênies (FOUILLOUX et al., 2000; ERIKSSON et al., 2002).

Quanto aos efeitos genéticos, existem na literatura vários trabalhos sobre estimativas de herdabilidade do peso e do ganho em peso de bovinos Nelore da desmama até um ano de idade. Sabe-se que até a desmama o crescimento do animal é muito influenciado pelos efeitos maternos e que essa influência diminui rapidamente após esse período. Por essa razão, o peso ao desmame apresenta, quase sempre, menores estimativas de herdabilidade direta, de 0,09 a 0,16, que o peso ao ano, de 0,17 a 0,26 (ALBUQUERQUE & MEYER, 2001; CYRILLO et al., 2004), ou o ganho pós desmama, até um ano de idade, de 0,16 (PANETO et al., 2002). Entretanto, estudos sobre os efeitos genéticos que incidem sobre o crescimento dos animais durante a PGP são menos conhecidos.

No Centro de Pesquisa em Pecuária de Corte do Instituto de Zootecnia (CPPC/IZ), as PGP são realizadas desde 1955 e, a partir de 1978, passou-se a utilizar a PGP para selecionar também os animais dos próprios rebanhos, numa seleção dentro de rebanho. A PGP é fundamentada na classificação dos animais com base no desempenho do próprio animal, usando o índice da PGP, que considera o peso final e o ganho em peso após 168 dias de confinamento pós-desmame, (RAZOOK et al., 1997), período em que são feitas quatro pesagens. A partir de 1997, a PGP do CPPC/IZ foi utilizada por uma Central de Inseminação Artificial como uma das etapas para a seleção

de touros da raça Nelore, a exemplo do que é realizado na França para algumas raças de bovinos de corte (FOUILLoux et al., 2000).

Há pequeno número de trabalhos sobre parâmetros genéticos de características de crescimento obtidas em PGP, e a grande maioria é proveniente de PGP realizadas em países de clima temperado com *Bos taurus* (LIU & MAKARECHIAN, 1993; GENGLER et al., 1995; SCHENKEL et al., 2002). Além disso, embora a seleção dos animais em PGP seja pontual, isto é, baseada somente no desempenho individual referente àquele grupo de contemporâneos, há disponibilidade de dados dos anos anteriores que podem estar conectados ano a ano via parentesco, e que podem ser utilizados nas análises para aumentar a acurácia dessas avaliações. Análises multicaracterísticas podem melhorar a modelagem dos efeitos genéticos e ambientais para os pesos e ganhos de peso tomados durante a PGP (SCHENKEL et al., 2002; NEPHAWE et al., 2006), o que possibilitaria um aumento na acurácia da avaliação dos animais. Os autores acrescentam ainda que, pelo fato do desempenho individual do animal numa PGP depender de fatores genéticos e ambientais pré e pós-desmama, é necessário modelá-los adequadamente nesse curto período de tempo. A utilização de pesos ajustados para idades padronizadas ou a remoção daqueles pesos fora do intervalo de idades preestabelecido pode levar à diminuição na acurácia dos valores genéticos preditos (MEYER, 2004).

O objetivo deste trabalho foi verificar se a inclusão de informações de parentesco proporcionará mudança nas estimativas dos parâmetros genéticos, na acurácia dos valores genéticos estimados e na classificação final dos animais para características obtidas em prova de ganho de peso.

Material e Métodos

Fonte dos dados

Os dados utilizados nesse estudo foram provenientes de 4.758 machos inteiros da raça Nelore participantes das PGP realizadas no Centro de Pesquisa em Pecuária de Corte (CPPC/IZ) nos anos de 1978 a 2007, sendo 2211 pertencentes ao CPPC/IZ e 2547 de rebanhos particulares. Esses animais eram filhos de 806 touros e 3.726 matrizes e provenientes de 552 rebanhos. Durante a PGP, foram tomadas quatro pesagens por animal num total de 18.825 pesagens. Para atender às normas de realização da PGP, os animais tinham diferença máxima de idade de 90 dias dentro de ano de prova, porém a variação de idade entre os anos de prova foi de 116 dias. As informações de parentesco dos animais provenientes dos rebanhos particulares foram levantadas na Associação Brasileira dos Criadores de Zebu.

Foram descartados animais com menos de três medidas de peso durante a prova. A matriz de parentesco foi constituída com informações de todas as gerações disponíveis e continha 26.479 animais.

A prova de ganho em peso da EEZS

As normas da PGP da CPPC/IZ estão descritas em RAZOOK et al. (1997) e são usadas pela maioria das PGP em confinamento realizadas no Brasil. Os animais participantes são do sexo masculino, inteiros e nascidos de agosto a outubro do ano anterior à PGP, e entram na PGP logo após o desmame. No início da PGP os animais são pesados após em jejum alimentar e hídrico de 18 horas, e os pesos são padronizados aos 210 dias de idade (P210), por meio da fórmula: $P210 = \{(((PE - PN)/idade\ inicial) \times 210) + PN\}$, em que PE é o peso inicial e PN é o peso ao nascimento informado pelo criador.

Os animais permanecem em confinamento durante 168 dias, com pesagens a cada 56 dias após o jejum, sendo o primeiro período de 56 dias considerado como fase de adaptação. Durante todo o período da PGP, os animais recebem ração à vontade,

constituída basicamente de 45% de feno (jaraguá ou braquiária), 33% de quirera de milho e 22% de farelo de algodão ou outra fonte protéica e sal mineral, com aproximadamente 11% de proteína bruta, 67% NDT e 4.350kcal em 88% de matéria seca total.

No final da PGP é obtido o ganho médio diário do peso durante os últimos 112 dias (G112) de PGP, descartando-se o ganho em peso durante o período de adaptação, e o peso final é padronizado aos 378 dias de idade (P378), conforme a fórmula: $P378 = P210 + (G112 \times 168)$.

De acordo com estudos anteriores (GONÇALVES et al., 1996), desde 1996 a classificação dos animais é feita com base no desempenho do próprio indivíduo para um índice empírico da PGP (IPGP), considerando-se 60% do IG112 e 40% do IP378, em que IG112 e IP378 são, respectivamente, a razão dos desempenhos de G112 e de P378 de cada animal em relação à média do grupo naquele ano de PGP.

Estimativas de Parâmetros Genéticos

Os parâmetros genéticos foram estimados para o peso dos animais na entrada da PGP (P1), peso após 56 dias do início (P2), peso após 112 dias do início (P3), P378, G112 e IPGP. Na consistência dos dados foram consideradas válidas as informações dentro do intervalo de ± 3 desvios-padrão em relação à média do ano de realização da PGP, dentro do grupo de contemporâneos.

Os modelos para todas as características, inclusive para os pesos de entrada e intermediários, incluíram os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (mês e ano de nascimento), e da classe de idade da mãe ao parto (2 a ≥ 12 anos), além do efeito linear da idade do animal no início da PGP como co-variável. Em análises preliminares foi também considerado o rebanho de origem dos animais na formação dos grupos de contemporâneos, o que proporcionou muita fragmentação dos grupos e perda de grande parte das informações devido a grupos de contemporâneos com menos de 4 animais. Quanto aos efeitos aleatórios, foram considerados no modelo os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente materno. Na análise multicaracterísticas, o efeito de ambiente permanente materno foi retirado dos modelos

para G112 e IPGP, uma vez que esse efeito foi muito próximo de zero nas análises unicaracterísticas de ambas características.

Foi utilizado um arquivo de genealogia fornecido pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu, contendo identificação do animal, pai e mãe, totalizando 26.479 animais na matriz de parentesco. Os componentes de variância foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita em análises unicaracterística e multicaracterísticas (P1, P2, P3 e P378 e, P1, P2, P3 e IPGP). As análises foram feitas utilizando-se o programa Wombat (MEYER, 2006).

A estimativa do valor genético considerando-se somente o desempenho próprio do animal foi obtida pela multiplicação da estimativa de herdabilidade obtida nas análises unicaracterística pelo desvio da média do grupo de contemporâneos.

Correlações de Spearman entre as classificações dos animais para os valores genéticos estimados considerando-se somente o desempenho próprio e os estimados nas análises uni e multicaracterísticas foram calculadas utilizando-se o PROC CORR do SAS (2006). Para isso, foram considerados os 220 animais participantes da PGP de 2007, assim como os 20% e os 10% melhores para P378 e IPGP (no mesmo ano).

Resultados e Discussão

As estatísticas descritivas para as características analisadas são mostradas na Tabela 1. Observou-se que o coeficiente de variação do P1 foi mais alto que para as demais características, o que pode ser explicado pela diferença de ambiente a que esses animais estavam submetidos até essa idade. Após a entrada na PGP, com o ambiente uniforme, o coeficiente de variação diminuiu para os pesos posteriores.

Tabela 1 - Estatísticas descritivas da idade e peso de entrada (P1) dos animais, do peso após 56 dias do início (P2), do peso após 112 dias do início (P3), do peso final padronizado (P378) e do índice da PGP (IPGP) de 4.758 animais participantes das provas de 1978 a 2007

Característica	DP	Média	CV (%)	Mínimo	Máximo
Idade, dias	23,1	219	10,5	166	282
P1, kg	35,3	202	17,3	67	348
P2, kg	38,3	245	15,5	90	378
P3, kg	40,0	291	13,7	133	443
P378, kg	38,1	327	11,6	192	471
IPGP (%)	12,5	102	11,8	62	141

Em geral, as estimativas dos componentes de variância e das herdabilidades das características analisadas (Tabela 2) foram similares nas análises uni e multicaracterísticas, o que pode ser explicado pelo fato de todos os animais terem apresentado registros para todas as características. A proporção da variância total devido ao efeito de ambiente permanente materno foi relativamente baixa para o P378 na análise univariada. O IPGP, por dar maior ponderação ao ganho de peso após o período de adaptação, provavelmente sofre menor influência do ambiente anterior à PGP, ou menor influência materna, como relatado por GONÇALVES et al. (1996). NEPHAWE et al. (2006) também observaram que os efeitos maternos não foram relevantes para o ganho de peso durante testes de desempenho na África do Sul.

As estimativas de herdabilidade para P378 foram superiores às estimadas para IPGP em todas as análises. SCHENKEL et al. (2002), analisando um grande banco de

dados de testes de desempenho no Canadá, também relataram estimativa de herdabilidade maior para o peso ao final do período de adaptação (0,40) que para o ganho de peso neste período (0,33). GENGLER et al. (1995) relataram estimativas de herdabilidade superiores que as do presente trabalho, sendo 0,51 para o peso final e 0,55 para o ganho de peso após o período de adaptação.

Tabela 2 - Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos para peso de entrada (P1), peso após 56 dias do início (P2), peso após 112 dias do início (P3), peso final padronizado (P378), ganho de peso durante a PGP (G112) e índice da PGP (IPGP), obtidos nas diferentes análises.

	σ^2a	σ^2e	σ^2c	σ^2p	h^2	c^2
Unicaracterística						
P378	375,1	575,4	97,6	1.048,1	0,36±0,04	0,09±0,03
G112	101,7	332,4	-	434,1	0,24±0,04	-
IPGP	41,9	98,7	-	140,6	0,30±0,04	-
Multicaracterísticas						
P1	308,5	251,3	168,1	727,9	0,42±0,04	0,23±0,03
P2	336,6	336,8	173,5	846,9	0,40±0,04	0,21±0,03
P3	343,1	456,1	169,9	969,2	0,35±0,04	0,18±0,03
P378	370,8	604,9	114,8	1.090,5	0,34±0,04	0,11±0,03
G112	105,4	334,0	-	439,4	0,24±0,04	-
IPGP	45,6	104,4	-	150,0	0,30±0,04	-

σ^2a = variância genética aditiva direta; σ^2e = variância residual; σ^2c = variância de ambiente permanente materno; σ^2p = variância fenotípica; h^2 = herdabilidade direta; c^2 = proporção da variância fenotípica devida ao efeito de ambiente materno.

Todas as estimativas de correlações genéticas entre os pesos foram altas, evidenciando a grande associação genética do peso de entrada (P1) em todas as fases da avaliação. Por outro lado, as correlações genéticas dos pesos com IPGP foram de baixas a moderadas magnitudes (Tabela 3), indicando pequena associação dos pesos sobre esta característica. Este resultado deve-se ao fato que no IPGP o ganho de peso após o período de adaptação (G112) tem maior ponderação e esse ganho sofre menor influência materna, além de menor influência de outros fatores ambientais anteriores à PGP, como relatado por GONÇALVES et al. (1996).

Tabela 3 - Correlações genéticas entre os pesos anteriores ao final da prova de ganho em peso com P378 (acima da diagonal) e IPGP (abaixo da diagonal).

	P1	P2	P3	P378
P1	-	0,97±0,01	0,90±0,02	0,79±0,03
P2	0,97±0,01	-	0,96±0,01	0,85±0,03
P3	0,90±0,02	0,97±0,08	-	0,94±0,01
IPGP	0,17±0,08	0,30±0,08	0,52±0,07	-

P1 = peso de entrada dos animais; P2 peso após 56 dias do início da PG; P3 peso após 112 dias do início da PGP.

Em geral, os valores genéticos preditos para P378 e IPGP foram semelhantes nas análises uni e multicaracterísticas, provavelmente pelo fato de todos os animais apresentarem registros nas quatro características, e suas estimativas de herdabilidades serem semelhantes (Tabela 4).

Tabela 4 - Estatísticas descritivas dos valores genéticos preditos (VGP) para P378 e IPGP, estimados a partir do desempenho próprio e em análises uni e multicaracterística, dos animais participantes da prova de 2007.

Característica	N	Média	DP	Mínimo	Máximo
Desempenho Próprio					
VGP_P378 (kg)	220	0,00	12,07	-34,24	36,32
VGP_IPGP	220	0,00	3,78	-30,45	9,14
Unicaracterística					
VGP_P378 (kg)	220	15,72	13,27	-21,29	56,16
VGP_IPGP	220	3,35	3,29	-5,85	11,47
Multicaracterística					
VGP_P378 (kg)	220	15,27	13,68	-21,65	59,25
VGP_IPGP	220	3,47	3,56	-7,23	11,89

Na Tabela 5 constam os coeficientes de correlação de Spearman entre a classificação dos valores genéticos dos animais da prova de 2007, para P378 e IPGP, estimados pelas diferentes análises. As correlações entre as classificações dos animais foram, como esperado, mais altas entre as análises uni e multicaracterísticas que entre estas e o desempenho próprio. Esses valores sugerem que a inclusão do parentesco e de dados de PGP anteriores nos arquivos analisados de um certo ano de PGP parece não alterar substancialmente a classificação dos animais para P378 e IPGP. Entretanto, como somente os animais classificados bem acima da média da PGP

são os recomendados para reprodução, é necessário também verificar essas correlações na porcentagem dos animais que provavelmente serão utilizados como reprodutores.

Tabela 5 - Correlações (Spearman) entre as classificações dos valores genéticos preditos para P378 e para IPGP, obtidos em diferentes análises para os animais participantes da prova de 2007.

P378		
Característica	VGE_P378_U	VGE_P378_M
VGE_P378_M	0,98	-
VGE_P378_DP	0,85	0,81
IPGP		
Característica	VGE_IPGP_U	VGE_IPGP_M
VGE_IPGP_M	0,97	-
VGE_IPGP_DP	0,73	0,72

VGP_P378_U: valor genético predito para P378 obtido em análise de característica única; VGP_P378_M: valor genético predito para P378 obtido em análise de característica múltipla; VGP_P378_DP: valor genético predito para P378 obtido considerando somente o desempenho próprio.

A porcentagem de coincidência na classificação dos animais participantes da PGP de 2007, no primeiro e segundo decis (10% e 20% melhores) para os valores genéticos estimados de P378 e IPGP nas diferentes análises são mostrados na Tabela 6. Apesar das correlações altas e positivas entre as classificações considerando todos os animais participantes da PGP (Tabela5), a porcentagem de coincidência entre os 20% e 10% animais melhores classificados foram mais baixas, tanto para P378 como para IPGP, indicando que, dependendo da análise (desempenho próprio ou BLUP), diferentes animais serão recomendados como reprodutores, principalmente para IPGP.

Tabela 6 – Proporção de animais selecionados na classificação dos 10% e 20% melhores animais baseada nos valores genéticos de P378 e IPGP dos animais participantes da PGP de 2007, estimados em diferentes análises.

P378				
Percentagem selecionada				
N 220	10% (22 animais)		20% (44 animais)	
Característica	VGP_P378_U	VGP_P378_M	VGP_P378_U	VGP_P378_M
VGP_P378_DP	55	56	61	57
VGP_P378_U	-	94	-	93
IPGP				
Percentagem selecionada				
N 220	10% (22 animais)		20% (44 animais)	
Característica	VGP_IPGP_U	VGP_IPGP_M	VGP_IPGP_U	VGP_IPGP_M
VGP_IPGP_DP	20	19	46	40
VGP_IPGP_U	-	95	-	96

VGP_P378_U: valor genético predito para P378 obtido em análise de característica única; VGP_P378_M: valor genético predito para P378 obtido em análise de característica múltipla; VGP_P378_DP: valor genético predito para P378 obtido como desvio da média dos contemporâneos (desempenho próprio)

VGP_IPGP_U: valor genético predito para IPGP obtido em análise de característica única; VGP_IPGP_M: valor genético predito para IPGP obtido em análise de característica múltipla; VGP_IPGP_DP: valor genético predito para IPGP obtido como desvio da média dos contemporâneos (desempenho próprio).

Quando comparadas as acurácias dos valores genéticos preditos pelo desempenho próprio com aqueles obtidos por análises uni e multicaracterísticas, para predição dos valores genéticos dos animais obtidos pela adição de registros de PGP anteriores e das informações de parentesco, que permitiram ganhos nas acurácias dos valores genéticos esperados para P378 e IPGP. A distribuição de frequência das acurácias dos valores genéticos dos 220 animais da PGP de 2007 estimados nos modelos uni e multicaracterísticas foram semelhantes, com maior concentração de animais nos intervalos de 0,68 a 0,70 para P378 e 0,66 a 0,68 para IPGP, e superiores quando comparadas entre elas (Figuras 1 e 2).

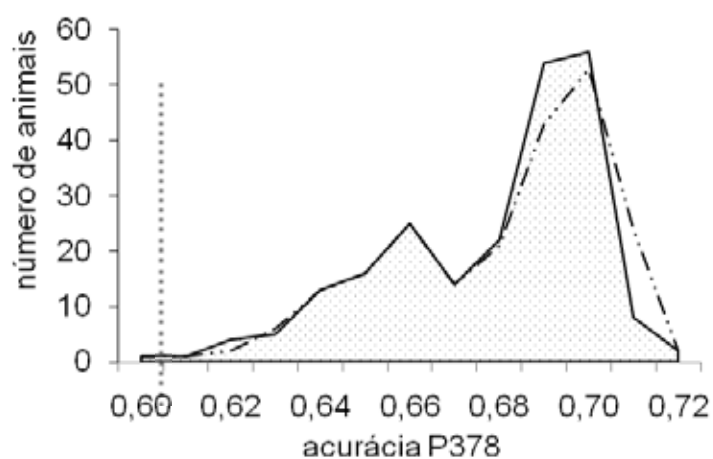


Figura 1 – Distribuição da frequência de animais participantes da PGP de 2007, em função da acurácia do valor genético predito para P378 (linha pontilhada desempenho próprio, linha contínua análise multivariada e linha tracejada análise univariada)

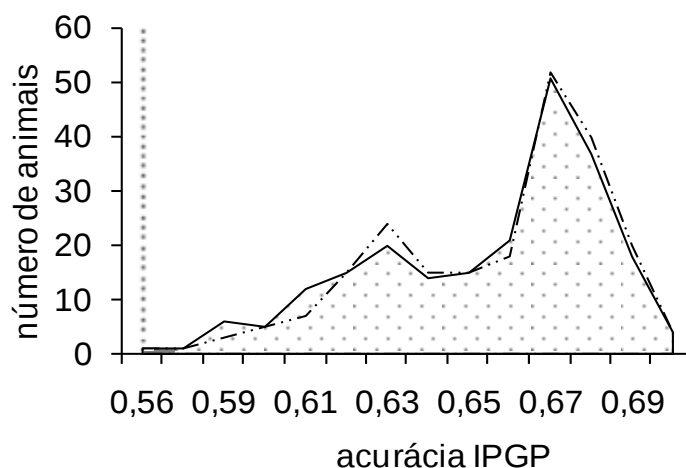


Figura 2 – Distribuição da frequência de animais participantes da PGP de 2007, em função da acurácia do valor genético predito para IPGP (linha pontilhada desempenho próprio, linha contínua análise multivariada e linha tracejada análise univariada)

Conclusões

As características P378, G112 e IPGP, possuem variação genética aditiva para responder à seleção, quando os componentes foram estimados com os modelos uni e multicaracterísticas.

Os componentes de variância e os parâmetros genéticos estimados para as características de desempenho dos animais ao final de provas de ganho em peso não diferem entre as análises uni e multicaracterísticas, em que os pesos tomados no decorrer da prova são incluídos.

A inclusão de dados de provas anteriores, juntamente com as informações de parentesco disponíveis, provoca uma reclassificação dos melhores animais, em relação à análise tradicional, e permite ganhos na acurácia dos valores genéticos preditos das características utilizadas para classificar os animais ao final da PGP.

Referências Bibliográficas

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

CYRILLO, J.N.S.G.; ALENCAR, M.M.; RAZOOK, A.G. et al. Modelagem e estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos para pesos do nascimento ao momento da seleção (378 dias) de machos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.1405-1415, 2004.

ERIKSSON, S.; NÄSHOLM, A.; JOHANSSON, K. et al. Genetic analysis of post-weaning gain of Swedish beef cattle recorded under field conditions and at station performance testing. **Livestock Production Science**, v.76, p.91-101, 2002.

FOUILLLOUX, M. N.; RENAND G.; GAILLARD J. et al. Genetic correlation estimation between artificial insemination sire performances and their progeny beef traits both measured in test stations. **Genetic Selection Evolution**, v 32, p. 483-499, 2000.

GENGLER, N.; SEUTIN, C.; BOONEN, F. et al. Estimation of genetic parameters for growth, feed consumption, and conformation traits for double-muscle Belgian Blue bulls performance-tested in Belgium. **Journal of Animal Science**,v.73, p.3269-3273, 1995.

GONÇALVES, J. N S.; FIGUEIREDO, L. A.; RAZOOK, A. G. et al. Prova de ganho de peso de Sertãozinho: efeitos genéticos e de ambiente sobre características de crescimento In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33. 1996, Fortaleza. **Anais...** Fortaleza, Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1996. p.121-123.

GUIDELINES FOR UNIFORM BEEF IMPROVEMENT PROGRAMS. 8th. edition, 2002, <<http://www.beefimprovement.org> 06/09/2007.

LIU, M.F.; MAKARECHIAN, M. Factors influencing growth performance of beef bulls in a test station. **Journal of Animal Science**, v. 71, n.5, p.1123-1127, 1993.

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

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

NEPHAWE, K.A.; MAIAWASHE, A.; THERON, H.E. The effect do herd of origin by year on post-weaning traits of young beef bulls at centralized testing centres in South Africa. **South Africa Journal of Animal Science**, v.31, p.33-39, 2006.

PANETO, J.C.C.; LEMOS, D.C.; BEZERRA, L.A.F. et al. Estudo de características quantitativas de crescimento dos 120 aos 550 dias de idade em gado Nelore . **Revista Brasileira de Zootecnia**, vol.31, n.2, p.668-674, 2002.

PRIBYL, J.; PRIBYLOVA, J.; VOSTRY, L. et al. Breeding value for own growth of beef bulls in performance-test station. **Animal Science Papers and Reports**, v.22,n.2, p.97-103, 2004.

PRIBYL, J.; KREJCOVA, J; PRIBYLOVA, J. et al. Analises of daily gains of performance tested dual-purpose bulls using legendre polynomials en linear splines. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUTION, 2006, Belo Horizonte, **Proceedings...** CD-ROOM, Belo Horizonte, 2006.

RAZOOK, A.G., FIGUEIREDO, L.A., CYRILLO, J.N.S.G. et al. 1997. Prova de ganho de peso. Normas adotadas pela Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho. Instituto de Zootecnia. **Boletim técnico** n.40, 33 p., 1997.

RAZOOK, A.G.; FIGUEIREDO, L. A.; NARDON, R. F. et al. Efeitos de raça e da seleção para peso pós-desmame sobre características de confinamento e de carcaça da 15^a

progênie dos rebanhos Zebu e Caracu de Sertãozinho (SP). **Revista Brasileira de Zootecnia**, vol.30, n.1, p.115-124, 2001.

SCHENKEL, F.S.; MILLER, S.P.; JAMROZIK, J. et al. Two-step and random regression analyses of weight gain of station-tested beef bulls. **Journal of Animal Science**, v.80, p.1497-1507, 2002.

SCHENKEL, F.S.; MILLER, S.P.; WILTON, J.W. Herd of origin effect on weight gain of station-tested beef bulls **Livestock Production Science**, v.86, p.93-103, 2004.

CAPÍTULO 3. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESOS EM PROVA DE GANHO EM PESO EM BOVINOS DA RAÇA NELORE UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

Resumo: Este trabalho foi realizado com o objetivo de comparar modelos de regressão aleatória de diferentes ordens para estimar funções de covariância, utilizando modelos de regressão aleatória sobre polinômios de Legendre, para a análise de medidas repetidas de pesos em bovinos da raça Nelore obtidos em 168 dias de prova de ganho de peso (PGP). Foram utilizadas 18.825 mensurações de pesos de 4.758 animais. Os modelos incluíram, como aleatórios, os efeitos genéticos aditivos direto, de ambiente permanente direto e materno e, como fixos, os efeitos de grupo de contemporâneos e a idade da vaca ao parto em classes e polinômio ortogonal de Legendre da idade do animal (regressão quadrática), como covariáveis. Para comparar os resultados obtidos pelos modelos de regressão aleatória, foram realizadas, no mesmo conjunto de dados, análise multicaracterísticas utilizando modelos de dimensão finita para pesos ao início da prova (P1), peso aos 56 (P2), 112 (P3) e 168 (P4) dias de prova. Foram considerados como aleatórios os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente materno para P1, P2, P3 e P4, e os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (mês e ano de nascimento) e a idade da vaca ao parto (em anos de idade) em classes (10 níveis) e como covariável a idade do animal na pesagem (efeito linear). Um total de 15 modelos de regressão aleatória, aplicando polinômios de segunda a quinta ordem foram considerados para modelar os efeitos genéticos aditivos direto e de ambiente permanente direto e materno. O resíduo foi modelado considerando 1, 3, 4, 6 e 9 classes de variâncias. O modelo contendo 4 classes de variância foi o que melhor descreveu o comportamento da trajetória para o efeito residual ao longo do crescimento. O modelo que considerou polinômios de Legendre de terceira e quinta ordem para os efeitos genético direto e de ambiente permanente direto, respectivamente, e de segunda ordem para o efeito de ambiente permanente

materno, foi suficiente para modelar as mudanças das variâncias do peso com a idade dos animais. As estimativas de herdabilidade do efeito genético direto obtidas por modelos de regressão aleatória seguiram tendência semelhante daquelas obtidas pela análise multicaracterística. As estimativas de correlação genética direta obtidas por modelos de regressão aleatória entre pesos na PGP foram altas e levemente superiores às obtidas utilizando análise multicaracterísticas. Os pesos durante a PGP possuem variação genética aditiva para responder à seleção quando os componentes de variância foram estimados com modelos de regressão aleatória ou análise multicaracterísticas.

Palavras-chave: função de covariância, modelos de dimensão infinita, polinômio de Legendre, prova de ganho de peso.

Introdução

As provas de desempenho em confinamento são realizadas para comparar peso e/ou ganho em peso de machos jovens de raças de corte provenientes de diferentes rebanhos, sob condições padronizadas de ambiente, com a finalidade de identificar, rapidamente os animais geneticamente superiores para utilizá-los como futuros reprodutores em rebanhos comerciais (RAZOOK et al., 1984; LIU & MAKARECHIAN, 1993; SCHENKEL et al., 2004). É quase um consenso que as PGP tenham início após o desmame, que ocorre em média aos 7 meses de idade, e se estendam por 5 ou 6 meses (GENGLER et al., 1995; RAZOOK et al., 1997; SCHENKEL et al., 2004; NEPHAWE et al., 2006).

De modo a selecionar os touros superiores entre e dentro das PGP, é necessário modelar corretamente os fatores genéticos e ambientais que contribuem para o desempenho durante o período de teste. Os efeitos de ambiente que influenciam o crescimento de bovinos de corte da desmama ao ano já foram muito bem estudados e relatados nas últimas décadas. Porém, estudos sobre os efeitos ambientais que influenciam o crescimento dos animais durante a PGP são em menor número, já que essa é delineada para minimizar esses efeitos, com redução da variação de idade de entrada dos animais (até 90 dias) e com um período de adaptação, cujo ganho em peso é desprezado no momento da classificação dos animais.

No Brasil, para as características de crescimento em gado de corte, os programas de avaliação genética comumente adotam análises bi e multicaracterísticas para prever os valores genéticos dos animais. Com estes modelos, ditos de dimensão finita, animais são avaliados em diferentes idades pontuais ao longo de sua vida. Os pesos, em geral, são tomados em diferentes idades, razão pela qual eles são ajustados para as idades padrão ou excluídas da análise, quando eles se encontram fora do intervalo de idades pré-estabelecido. A utilização de pesos ajustados para idades padrão ou a remoção daqueles pesos fora do intervalo de idades preestabelecido pode levar à diminuição na acurácia dos valores genéticos preditos (MEYER, 2004).

Recentemente, os modelos de regressão aleatória foram utilizados para estimar funções de covariância para ganho de peso de bovinos de várias raças em provas de ganho de peso no Canadá (SCHENKEL et al., 2002) e para pesos em bovinos da raça Brahman em confinamento nos EUA (RILEY et al., 2007).

Os modelos de regressão aleatória descrevem de forma contínua a estrutura de covariâncias ao longo do tempo e permitem estimar os valores genéticos para pesos em qualquer idade, em contraste com as análises multicaracterísticas, que fornecem predições pontuais (idade padrão). Além disso, permitem a utilização de todas as medidas do animal, possibilitando o uso de maior número de informações do mesmo animal nas avaliações genéticas, com o conseqüente aumento na acurácia (MEYER, 2004).

Os polinômios ortogonais têm sido utilizados extensivamente em modelos de regressão aleatória, para estimar funções de covariância em estudos de crescimento de bovinos de corte (MEYER, 1999; ALBUQUERQUE & MEYER, 2001a, b; MEYER, 2001; MEYER, 2003; NOBRE et al., 2003; ARANGO et al., 2004; NEPHAWE, 2004; TORAL, 2004; MEYER, 2005a). As matrizes dos polinômios ortogonais possuem colunas que são mutuamente ortogonais, o que evita o problema de matrizes singulares que é comum nos polinômios naturais. Segundo Meyer (2000), os polinômios ortogonais são os mais adequados para modelar dados de crescimento, especialmente se for necessário utilizar polinômios de alto grau. Existem vários tipos de polinômios ortogonais, sendo os polinômios de Legendre os mais comumente utilizados (MEYER, 2005b).

O objetivo deste estudo foi estimar funções de covariância para os efeitos genéticos aditivos direto e de ambiente permanente direto e materno, e parâmetros genéticos para pesos em prova de ganho de peso em bovinos da raça Nelore, utilizando modelos de regressão aleatória sobre polinômios de Legendre.

Material e Métodos

Fonte dos dados

Os dados disponíveis para esse estudo foram provenientes de 4.758 machos da raça Nelore, sendo 2211 provenientes do Centro de Pesquisa em Pecuária de Corte-IZ (CPPC) e 2547 provenientes de rebanhos particulares, participantes da PGP em confinamento do CPPC, nos anos de 1978 a 2007. Esses animais eram filhos de 806 touros e 3.726 matrizes e provenientes de 552 rebanhos. Os pesos foram tomados na entrada da PGP, e a cada 56 dias totalizando 168 dias de PGP, constituindo quatro pesagens por animal. Estiveram disponíveis 18.825 medidas de peso. Para atender às normas de realização da PGP, os animais tinham diferença máxima de idade de 90 dias dentro de ano de prova. As informações de parentesco dos animais provenientes dos rebanhos particulares foram levantadas na Associação Brasileira dos Criadores de Zebu.

Foram descartados animais com menos de três medidas de peso durante a prova. A matriz de parentesco foi constituída com informações de todas as gerações disponíveis e continha 26.479 animais.

Estimativas dos parâmetros genéticos

O grupo de contemporâneos incluiu animais nascidos no mesmo mês e ano. Foram excluídos registros de pesos fora dos intervalos dados pela média do grupo de contemporâneos mais ou menos três desvios-padrão. Foram excluídos grupos de contemporâneos com menos de cinco animais, totalizando 348 grupos de contemporâneos. Na Tabela 1 encontra-se o resumo do conjunto de dados após edição.

Tabela 1 – Resumo da estrutura de informações para o MRA.

Informação	Número
Nº total de informações	18.825
Animais com pesagens	4.711
Com três pesagens	19
Com quatro pesagens	4.692
Touros	806
Vacas	3.726
Animais na matriz de parentesco	26.479

As análises de regressão aleatória foram realizadas utilizando polinômio ortogonal de Legendre de terceira ordem para modelar as tendências da média populacional. Foram considerados nos modelos três efeitos aleatórios: os efeitos genéticos direto (a), de ambiente permanente direto (p) e materno (c), e diferentes ordens (k) de polinômio para cada efeito. Para o efeito genético aditivo direto (a) foram utilizados polinômios quadrático, cúbico, e quártico, ou seja, ordem dos polinômios (k_a) = 3, 4 e 5, respectivamente. Para o efeito de ambiente permanente materno foram utilizados polinômios linear, quadrático e cúbico, ou seja, k_c = 2, 3 e 4, respectivamente. O efeito de ambiente permanente do animal foi modelado considerando polinômios de quadráticos, cúbicos e quarticos, ou seja, k_p = 3, 4 e 5, respectivamente. As variâncias residuais foram modeladas considerando-se 9, 6, 4 e 3 classes, sendo agrupadas da seguinte forma: 161-191, 192-222, 223-253, 254-284, 285-315, 316-346, 347-377, 378-408, 409-450 dias de idade quando foram consideradas 9 classes; 161-191, 192-222, 223-284, 285-346, 347-408, 409-450 dias de idade quando foram consideradas 6 classes; 161-222, 223-284, 285-408, 409-450 dias de idade quando foram consideradas 4 classes; 161-222, 223-284, 285-450 dias de idade quando foram consideradas 3 classes. Além disso, foi considerado no modelo como efeito fixo o grupo de contemporâneos, além da idade da mãe ao parto (anos de idade) em classes (10 níveis) e a curva fixa para modelar a tendência média da população. O modelo de regressão aleatória utilizado pode ser descrito como:

$$y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{k_b-1} \beta_m \phi_m(t_i) + \sum_{m=0}^{k_a-1} \alpha_{jm} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_p-1} \delta_{jm} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_c-1} \rho_{jm} \phi_m(t_{ij}) + E_{ij} ,$$

em que: y_{ij} peso vivo na i -ésima idade, pertencente ao j -ésimo animal; F é o conjunto de efeitos fixos incluindo as covariáveis; β_m são os coeficientes de regressão para modelar a trajetória média da população; $\phi_m(t_i)$ é a função de regressão de ordem k_b que descreve a curva média da população de acordo com a idade do animal (t_i); $\phi_m(t_{ij})$ são as funções de regressão que descrevem as trajetórias de cada indivíduo j , de acordo com a idade (t_i), para os efeitos aleatórios genético aditivo direto, de ambiente permanente direto e de ambiente permanente materno; $\alpha_{jm}, \delta_{jm}, \rho_{jm}$ são os regressores aleatórios genéticos direto, de ambiente permanente direto e materno para cada animal; k_b, k_a, k_p, k_c são as ordens dos polinômios utilizados para os efeitos descritos acima; e E_{ij} é o erro aleatório associado a cada idade i do animal j . Na notação matricial o modelo pode ser representado por:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Z_1a} + \mathbf{W_1p} + \mathbf{W_2c} + \mathbf{e}$$

em que $\mathbf{y}$ é o vetor das características observadas, $\mathbf{b}$ é o vetor dos efeitos fixos (incluindo F_{ij} e β_m), $\mathbf{a}$ é o vetor dos coeficientes aleatórios para o efeito genético aditivo direto, $\mathbf{p}$ é o vetor dos coeficientes aleatórios para o efeito de ambiente permanente direto, $\mathbf{c}$ é o vetor dos coeficientes aleatórios para o efeito de ambiente permanente materno, $\mathbf{e}$ é o vetor dos resíduos, e $\mathbf{X}, \mathbf{Z_1}, \mathbf{W_1}, \mathbf{W_2}$ são as matrizes de incidência correspondentes.

As pressuposições em relação aos componentes são:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ c \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad V \begin{bmatrix} a \\ p \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} K_a \otimes A^{-1} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & K_p \otimes I & 0 & 0 \\ 0 & 0 & K_c \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix};$$

em que K_a , K_p e K_c são as matrizes de (co)variância entre os coeficientes de regressão aleatórios para os efeitos genético aditivo direto, ambiente permanente direto e ambiente permanente materno, A é a matriz de parentesco entre os indivíduos, I é a matriz de identidade, $\otimes$ é o produto de Kroeneker entre matrizes, e R representa uma matriz bloco diagonal, contendo as variâncias residuais. Assume-se que os efeitos aleatórios do modelo não são correlacionados entre si.

As funções de covariâncias foram estimadas utilizando-se modelos de regressão aleatória pelo método de máxima verossimilhança restrita, utilizando-se o programa estatístico WOMBAT (MEYER, 2006).

Os modelos de regressão aleatória foram comparados usando-se o logaritmo da função de verossimilhança ($\log L$), as formas de máxima verossimilhança restrita dos critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC) (WOLFINGER, 1993) e pelo exame das variâncias e correlações estimadas para os pesos vivos em diferentes idades, presentes no conjunto de dados. Os critérios de informação podem ser representados como:

$$\text{AIC} = -2\log L + 2p$$

$$\text{BIC} = -2\log L + p \log (N - r(X)),$$

em que p é o número de parâmetros estimados, N o número de dados, $r(X)$ o posto da matriz de incidência dos efeitos fixos no modelo e $\log L$ ou logaritmo da função de máxima verossimilhança restrita (WOLFINGER, 1993).

Para comparar os resultados obtidos pelos modelos de regressão aleatória, foi realizada, no mesmo conjunto de dados, análise multicaracterísticas utilizando modelos de dimensão finita para pesos ao início da prova (P1), peso aos 56 (P2), 112 (P3) e 168 (P4) dias de prova. Foram considerados como aleatórios os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente materno para P1, P2, P3 e P4, e os efeitos fixos de

grupo de contemporâneos (mês e ano de nascimento) e a idade da vaca ao parto (em anos de idade) em classes (10 níveis) e como covariável a idade do animal na pesagem de entrada (efeito linear).

Resultados e Discussão

A média de peso e o número de medidas de peso (18.825), por idade dos 4.711 tourinhos participantes das PGP de 1978 a 2007, são apresentados na Figura 1. Como pode ser observado, o número de observações foi menor nas idades extremas. Os pesos aumentaram durante a prova mostrando uma tendência linear.

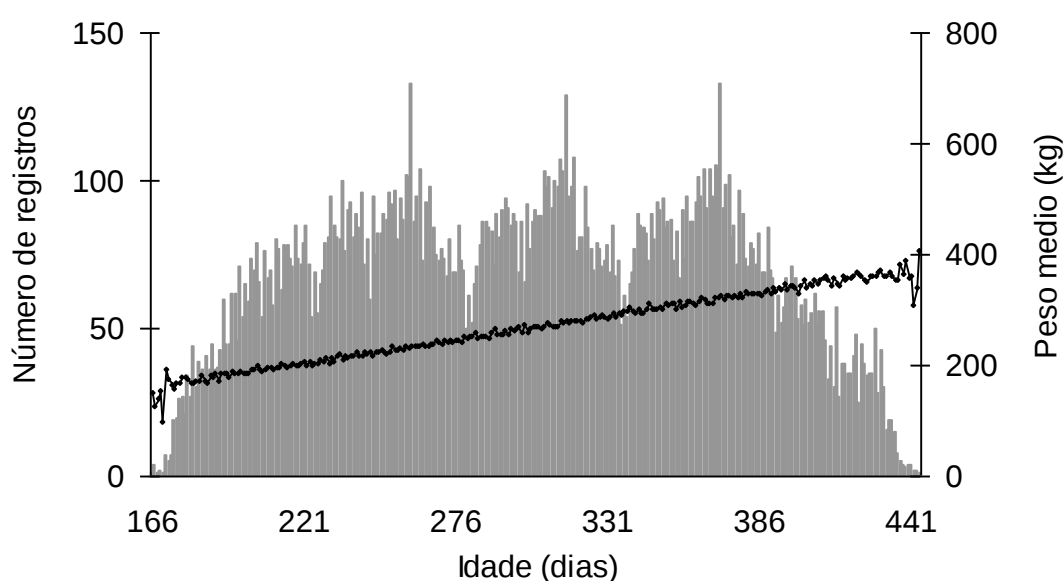


Figura 1- Média de peso (gráfico de linha) e número de observações por idade (gráfico de barras).

O resumo das análises utilizando modelos de regressão aleatória está descrito na Tabela 2. O modelo contendo homogeneidade de variâncias residuais promoveu o pior ajuste, indicando que a variância residual teve comportamento diferente no decorrer da PGP. Meyer (1999) obteve resultados semelhantes utilizando pesos a partir do ano e meio de idade até a idade adulta em bovinos de raças de corte. A medida em que o número de classes de resíduo foi maior houve melhor ajuste do modelo segundo o logaritmo da função de verossimilhança ($\log L$), (Tabela 2). De acordo com o critério BIC, quatro classes heterogêneas de variância residual seriam suficientes para modelar

as mudanças nas variâncias residuais, com a idade. Além disso, a modelagem da variância residual com quatro classes permite utilizar modelos mais parcimoniosos em relação àqueles modelos que empregaram 9 classes de resíduo.

Tabela 2- Ordem do polinômio para os efeitos genéticos direto (k_a) e de ambiente permanente de animal (k_p) e materno (k_c), classes de resíduo (r); número de parâmetros (np); logaritmo da função de verossimilhança ($\log L$); critério de informação de Akaike (AIC) e critério Bayesiano de Schwarz (BIC).

	Modelo ¹	k_a	k_p	k_c	r	np	Critério Estatístico ²		
							$\log L$	AIC	BIC
1	Leg333_hom	3	3	3	1	19	-55.353	110.744	110.892
2	Leg333_het9	3	3	3	9	27	-55.223	110.500	110.711
3	Leg333_het6	3	3	3	6	24	-55.229	110.507	110.695
4	Leg333_het4	3	3	3	4	22	-55.237	110.517	110.689
5	Leg333_het3	3	3	3	3	21	-55.250	110.542	110.706
6	Leg343_het4	3	4	3	4	26	-55.120	110.292	110.496
7	Leg353_het4	3	5	3	4	31	-55.075	110.212	110.455
8	Leg352_het4	3	5	2	4	28	-55.080	110.215	110.434
9	Leg354_het4	3	5	4	4	35	-55.073	110.216	110.490
10	Leg443_het4	4	4	3	4	30	-55.100	110.261	110.496
11	Leg453_het4	4	5	3	4	35	-55.060	110.191	110.465
12	Leg452_het4	4	5	2	4	32	-55.064	110.193	110.443
13	Leg543_het4	5	4	3	4	35	-55.078	110.228	110.502

1Leg $k_a k_p k_c$ _r: ordem da função de covariâncias para os efeitos genético aditivo direto (k_a), de ambiente permanente de animal (k_p) e materno (k_c) e a estrutura de variâncias residuais (r) 2Valores em negrito indicam o melhor modelo com base em AIC e BIC.

Segundo os critérios de AIC e BIC, que penalizam os modelos com maior número de parâmetros, indicaram os modelos Leg352_het4 e Leg453_het4 com 28 e 35 parâmetros, respectivamente, promoveram melhor ajuste.

Em geral, a diferença entre os valores genéticos preditos foram muito elevadas para todos os modelos e as maiores variações ocorreram para desempenho próprio, o que pode ser constatado pela amplitude dos valores genéticos preditos, de acordo com as três análises empregadas (Tabela 3).

Tabela 3 - Estatísticas descritivas dos valores genéticos preditos (VGP) para P378 (kg), estimados pelo desempenho próprio (DesPro), e em análises unicaracterísticas (Uni), múlticaracterísticas (Multi), e de regressão aleatória (Leg352_het4), dos 220 animais participantes da prova de 2007.

Característica	Média	DP	Mediana	Mínimo	Máximo	Amplitude
DesPro	0,00	33,53	-1,12	-95,12	100,88	196,00
Uni	15,72	13,27	16,62	-21,29	56,17	77,50
Multi	15,27	13,68	16,04	-21,65	59,25	80,90
Leg352_het4	16,84	14,15	15,84	-26,57	57,43	84,00

Em análises preliminares, foi possível definir que a inclusão apenas do efeito de ambiente permanente materno promoveria melhores resultados. Para o efeito de ambiente permanente materno, segundo o critério BIC o emprego do modelo com polinômio de ordem cúbica esteve associado a autovalores próximos a zero, sugerindo redução na ordem e possibilitando a obtenção de modelo mais parcimonioso. ARANGO et al. (2002), relataram que falhas na convergência aconteceram quando procurou-se aumentar a ordem do efeito de ambiente permanente materno.

JAMROZIK & SCHAEFER (2002), avaliaram diferentes modelos de regressão aleatória para estimar funções de covariância para produção de leite no dia do controle, afirmaram que dependendo do critério, a escolha do modelo pode divergir e, que ainda é pouco claro qual critério estatístico é o mais adequado. Para o presente estudo, a utilização do modelo Leg352_het4 com 28 parâmetros permitiria obter estimativas de parâmetros genéticos para pesos obtidos durante a PGP de magnitude semelhante às aquelas obtidas por análise multicaracterísticas.

As estimativas de covariâncias e correlações entre os coeficientes de regressão aleatória e seus autovalores, para os modelos Leg352_het4 e Leg453_4 são

apresentados no Anexo 1. As correlações entre os coeficientes de regressão aleatória foram de magnitude e sinal variável.

Para todos os efeitos aleatórios estudados, o intercepto apresentou a maior estimativa de variância e autovalor. Com exceção do efeito de ambiente permanente materno, para os demais efeitos as correlações entre o intercepto e os coeficientes de regressão linear foram positivas em todos os modelos. O coeficiente de regressão quadrático apresentou correlações negativas com o intercepto, o coeficiente linear e cúbico para todos os efeitos e em todos os modelos avaliados.

As estimativas de variâncias para pesos durante a PGP, obtidas pelo modelo Leg352_het4, Leg453_het4 e por análise multicaracterísticas, são apresentadas na Figura 2. Como se pode observar, as estimativas de variâncias genéticas aditivas diretas, obtidas por análise multicaracterísticas e pelos dois modelos de regressão aleatória apresentaram tendência semelhante. O modelo Leg453_het4 mostrou estimativas de variância de ambiente permanente materno semelhante às obtidas na análise multicaracterísticas. No entanto o modelo Leg352_het4 apresentou estimativas de variância de ambiente permanente materno inferiores às obtidas pelo modelo Leg453_het4 e análise multicaracterísticas para pesos intermediários da PGP (entre P1 e P3). Possivelmente, o fato de utilizar um polinômio linear para modelar a variância de ambiente permanente materno explique esta diferença. As estimativas de variâncias fenotípicas estimadas para pesos durante a PGP utilizando o modelo Leg352_het4, Leg453_het4 e por análise multicaracterísticas foram semelhantes (Figura 2). As estimativas de variâncias residuais da última classe foram próximas de zero em todos os modelos de regressão. Como se pode observar na Figura 2, as estimativas de variâncias fenotípicas obtidas por modelos de regressão aleatória foram levemente inferiores às obtidas utilizando análise multicaracterísticas, sobretudo a partir 300 dias de idade.

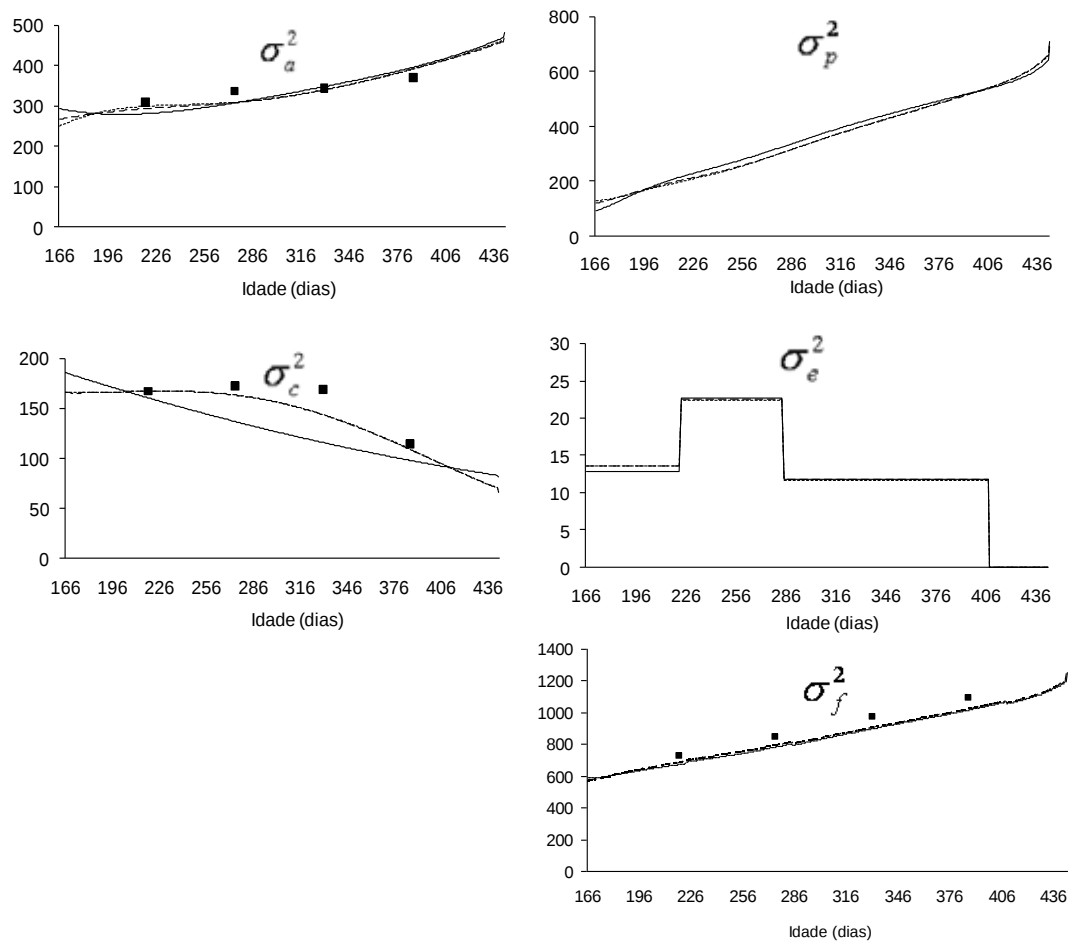


Figura 2 - Estimativas de componentes de variância genética aditiva direta (σ^2_a), ambiente permanente direto (σ^2_p), ambiente permanente materno (σ^2_c), residual (σ^2_e) e fenotípica (σ^2_f), obtidas por meio de modelos de regressão aleatória para Leg352_het4 (linha contínua), Leg453_het4 (linha descontinua) e por análise multicaracterística (■).

As estimativas de herdabilidade direta obtidas com modelos de regressão aleatória e análise multicaracterísticas, no geral, mostraram a mesma tendência (Figura 3). Os dois modelos de regressão aleatória apresentaram estimativas de herdabilidade direta semelhantes entre si. As estimativas de herdabilidade obtidas com análise multicaracterísticas foram levemente inferiores às obtidas utilizando modelos de regressão aleatória para pesos a partir de P3.

As estimativas da variância de ambiente permanente de animal como proporção da variância fenotípica total (c_p^2) seguiram a mesma tendência para ambos os modelos de regressão aleatória (Figura 3). Houve uma tendência de maiores c_p^2 para o modelo Leg453_het4 no início e no final da curva. As estimativas da variância de ambiente permanente materno como proporção da variância fenotípica total, obtidas por modelos de regressão aleatória e análise multicaracterísticas seguiram a mesma tendência (Figura 3).

O modelo Leg453_het4 mostrou estimativas da variância de ambiente permanente materno (c_c^2) como proporção da variância fenotípica total semelhantes às obtidas na análise multicaracterísticas em toda a trajetória e, foram maiores às apresentadas pelo modelo Leg352_het4 em idades intermediárias, seguindo a mesma tendência observada para as variâncias na Figura 2. MEYER (2003), empregando modelos de regressão aleatória, obteve estimativa máxima (0,15), aos 200 dias de idade, diminuindo gradualmente a zero próximo aos 600 dias de idade. Contudo, ALBUQUERQUE & MEYER (2001), para animais da raça Nelore, obtiveram estimativas de ambiente permanente materno que praticamente não mudaram com a idade e que foram inferiores às aquelas obtidas em análise unicaracterística.

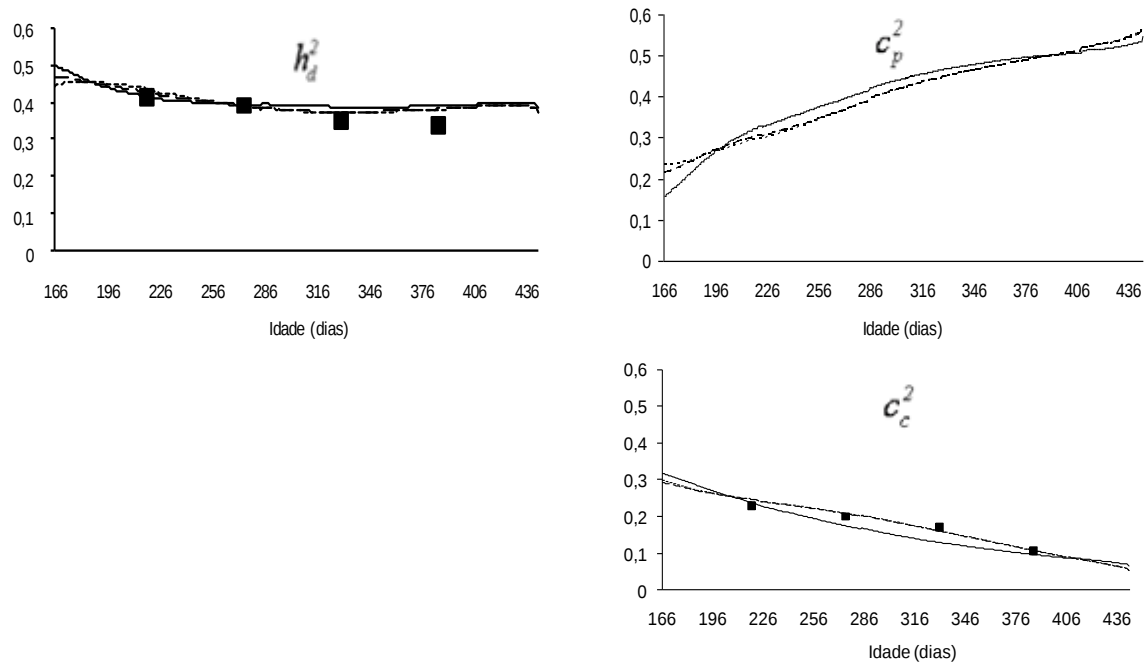


Figura 3 - Estimativas de herdabilidade direta (h_d^2), estimativa da variância de ambiente permanente de animal (c_p^2) e materna (c_c^2) como proporção da variância fenotípica total, obtidas por meio de modelos de regressão aleatória para Leg352_het4 (linha contínua), Leg453_het4 (linha descontínua) e por análise multicaracterística (■).

As estimativas de correlação genética direta e para pesos durante PGP obtidas pelo modelo Leg352_het4 e pela análise multicaracterísticas, estão apresentadas na Tabela 4. As estimativas de correlação genética direta obtida pelo modelo Leg352_het4 foram altas e semelhantes às obtidas utilizando análise multicaracterísticas, que variaram de 0,84 a 0,98. Estas correlações diminuíram gradualmente a medida em que a diferença entre as idades aumentava.

Tabela 4 - Estimativas das correlações genéticas aditivas diretas entre os pesos nas diferentes idades, obtidas em análise utilizando o modelo Leg352_het4 (acima da diagonal), e obtidas em análise multicaracterísticas (abaixo da diagonal).

Característica ¹	P1	P2	P3	P4
P1	-	0,97	0,91	0,84
P2	0,97	-	0,98	0,93
P3	0,90	0,97	-	0,98
P4	0,84	0,92	0,97	-

As estimativas de correlação de ambiente permanente direto e materno entre os pesos durante a PGP obtidas pelo modelo Leg352_het4 estão apresentadas na Tabela 5. As estimativas de correlação de ambiente permanente direto foram altas e diminuíram na medida que a distância entre os pesos aumentou. Já as correlações de ambiente permanente materno foram altas e próximas à unidade e semelhantes às obtidas pela análise multicaracterísticas.

Tabela 5 - Estimativas das correlações de ambiente permanente direto (acima da diagonal) e de ambiente permanente materno (abaixo da diagonal) entre os pesos nas diferentes idades, obtidas em análise utilizando o modelo Leg352_het4.

Característica ¹	P1	P2	P3	P4
P1	-	0,91	0,80	0,78
P2	0,99	-	0,96	0,90
P3	0,99	0,99	-	0,97
P4	0,98	0,99	0,99	-

As três principais autofunções para o efeito genético aditivo direto para o modelo de regressão aleatória Leg352_het4 são apresentadas na Figura 4.

O primeiro autovalor da matriz de coeficientes para o efeito genético aditivo foi responsável por 92% da variação genética aditiva total. A primeira autofunção foi positiva em todas as idades, indicando que existe correlação positiva entre os pesos durante a PGP. Assim, como observado nas correlações genéticas, a seleção para pesos em determinada idade irá aumentar os pesos nas demais idades. A segunda autofunção foi negativa até os 300 dias de idade e depois tornou-se positiva. A mudança de sinal indica que a seleção sobre este componente terá efeitos contrários

no início e no final da trajetória. Entretanto, a possibilidade de mudança genética por seleção sobre esse componente é pequena, uma vez que este foi responsável por apenas 7,2% da variância genética aditiva. A terceira autofunção teve comportamento quadrático ao longo da trajetória das idades. Porém a possibilidade de alteração genética sobre este componente é praticamente nula.

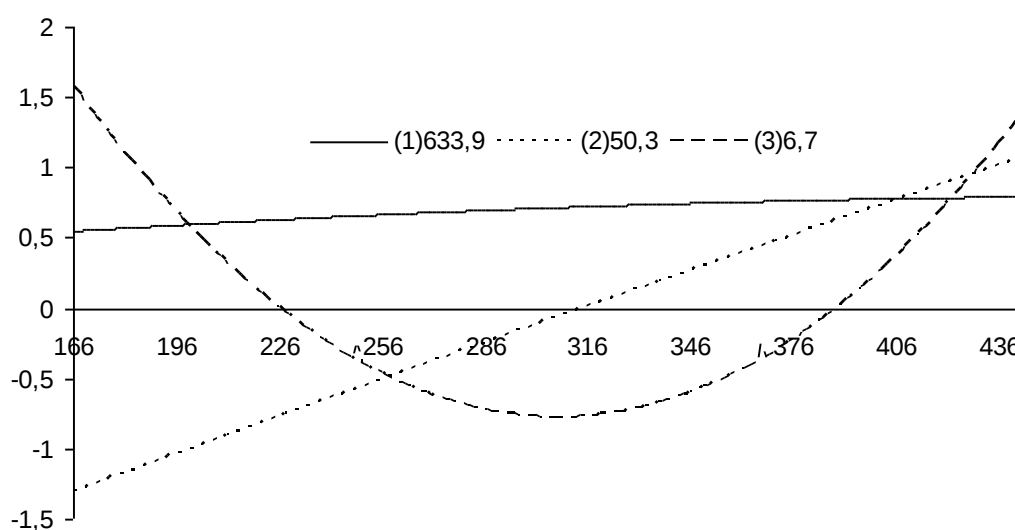


Figura 4 - Autofunções (1, 2 e 3) estimadas para o efeito genético aditivo direto e seus respectivos autovalores (633,9; 50,3 e 6,7), para o modelo Leg352_het4.

As correlações de classificação entre os valores genéticos preditos da característica P378 variaram de 0,78 a 0,98 (Tabela 6). As correlações foram menores, entre os valores genéticos preditos obtidos pelo desempenho próprio, com os valores genéticos preditos obtidos pelas demais análises, indicando mudanças significativas de classificação dos animais. Porém a correlação entre as análises, unicaracterística, multicaracterísticas e regressão aleatória (Leg352_het4), foram altas. Esse resultado era previsível, uma vez que, todos os animais possuem informações de todos os pesos.

Os valores obtidos para as correlações entre os valores genéticos preditos provenientes das análises unicaracterística, multicaracterísticas e regressão aleatória variaram de 0,94 a 0,98 para todos os animais. Essas correlações sugerem que a

utilização de qualquer uma das análises para obter levaria à seleção de praticamente os mesmos animais. Essas diferenças nos parâmetros estimados se refletem em diferenças nos animais extremos.

Tabela 6 - Correlações de Classificação (Spearman), entre os valores genéticos preditos para P378, obtidos com diferentes análises para os 220 animais participantes da prova de 2007.

Característica	VGP_U	VGP_M	VGP_RA
VGP_DP	0,85	0,81	0,78
VGP_U	-	0,98	0,94
VGP_M	-	-	0,96

VGP_U: valor genético predito para P378 obtido em análise de característica única;
VGP_M: valor genético predito para P378 obtido em análise de característica múltipla;
VGP_DP: valor genético predito para P378 obtido como desvio da média dos contemporâneos (desempenho próprio).

Com base nos valores genéticos preditos pelo desempenho próprio e pelas análises uni e multicaracterísticas e pelo modelo de regressão aleatória (Leg352_het4) para P378, observou-se que, selecionando os 5% melhores tourinhos, 63% (7) a 81% (9) dos animais selecionados seriam coincidentes (Tabela 7). Essas porcentagens seriam menores (41 a 86%), se 10% dos animais fossem selecionados. Comparando os valores obtidos pelas análises uni e multicaracterísticas e pelo modelo de regressão aleatória (Leg352_het4), ao desempenho próprio, as porcentagens de animais coincidentes seriam menores, do que comparando os modelos de dimensão finita com regressão aleatória. Estes achados comprovam que, mesmo com correlações bastante altas entre os valores genéticos preditos, haveria mudanças de classificação. Estudos de simulação poderiam ajudar a quantificar as mudanças que poderiam ser esperadas, em termos de acurácia e resposta à seleção, pelo uso de análises.

Tabela 7 – Número de tourinhos que seriam selecionados utilizando-se os valores genéticos, na classificação dos 5 % e 10 % melhores tourinhos, estimados em análises de característica única e múltipla e de regressão aleatória, para a característica P378, aplicando-se diferentes intensidades de seleção nos animais participantes da PGP de 2007.

Características	5% (11)	10% (22)
VGP_DP - VGP_U	63% (7)	59% (13)
VGP_DP - VGP_M	63% (7)	50% (11)
VGP_DP - VGP_RA	63% (7)	41% (9)
VGP_U - VGP_M	81% (9)	82% (18)
VGP_U - VGP_RA	63% (7)	72 % (16)
VGP_M - VGP_RA	81% (9)	86% (19)

VGP_U: valor genético predito para P378 obtido em análise de unicaracterística;
VGP_M: valor genético predito para P378 obtido em análise multicaracterísticas;
VGP_DP: valor genético predito para P378 obtido como desvio da média dos contemporâneos (desempenho próprio).

Conclusões

O modelo que considerou polinômios de Legendre de terceira e quinta ordem para os efeitos genético direto e de ambiente permanente direto, respectivamente, e de segunda ordem para o efeito de ambiente permanente materno, foi suficiente para modelar as mudanças das variâncias do peso com a idade dos animais.

As variâncias residuais devem ser consideradas por meio de estruturas heterogêneas e quatro classes variâncias.

Os modelos de regressão aleatória apresentaram estimativas de variâncias e parâmetros genéticos semelhantes aos obtidos utilizando um modelo multicaracterísticas.

Os pesos durante a PGP possuem variação genética aditiva para responder à seleção, quando os componentes de variância foram estimados com modelos de regressão aleatória.

O uso das informações de parentescos nas análises de dimensão finita e dos modelos de regressão aleatória proporcionou alteração na classificação dos touros superiores baseando-se nos valores genéticos preditos.

Referências Bibliográficas

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

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

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

GENGLER, N.; SEUTIN, C.; BOONEN, F. et al. Estimation of genetic parameters for growth, feed consumption, and conformation traits for double-muscle Belgian Blue bulls performance-tested in Belgium. **Journal of Animal Science**, v.73, p.3269-3273, 1995.

LIU, M.F.; MAKARECHIAN, M. Factors influencing growth performance of beef bulls in a test station. **Journal of Animal Science**, v. 71, n.5, p.1123-1127, 1993.

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

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

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

MEYER, K. First estimates of covariance functions for lifetime growth of Angus cattle.

Proceedings of Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics, v.15, p.395-398, 2003.

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

MEYER, K. "Advances in methodology for random regression analyses". **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v.45, p.847-859, 2005(a).

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

MEYER, K. "WOMBAT" – Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: World Congress on genetic applied to Livestock Production, 8, 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006, CD-ROM-

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

NEPHAWE, K.A.; MAIAWASHE, A.; THERON, H.E. The effect do herd of origin by year on post-weaning traits of young beef bulls at centralized testing centres in South Africa. **South Africa Journal of Animal Science**, v.31, p.33-39, 2006.

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

RAZOOK, A.G.; PACKER, I.U.; TROVO, J.B.F. et al. Novas provas de ganho de peso de Sertãozinho. II. Influências de meio e herança na seleção de um rebanho de bovinos Nelore. **Boletim Indústria Animal**, n.41, p 25-33., 1984.

RAZOOK, A.G., FIGUEIREDO, L.A., CYRILLO, J.N.S.G. et al. 1997. Prova de ganho de peso. Normas adotadas pela Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho. Instituto de Zootecnia. **Boletim técnico** n.40, 33 p., 1997.

RILEY, D. G.; COLEMAN, S.W.; CHASE JR, C. C. et al. Genetic parameters for body weight, hip height, and the ratio of weight to hip height from random regression analysis of Brahman feedlot cattle. **Journal of Animal Science**, v.85, p.42-52, 2007.

SCHAEFFER, L.R.; JAMROZIK, J. Random regression models: a longitudinal perspective. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.125, p.145-146, 2008.

SCHENKEL, F.S.; MILLER, S.P.; JAMROZIK, J. et al. Two-step and random regression analyses of weight gain of station-tested beef bulls. **Journal of Animal Science**, v.80, p.1497-1507, 2002.

SCHENKEL, F.S.; MILLER, S.P.; WILTON, J.W. Herd of origin effect on weight gain of station-tested beef bulls **Livestock Production Science**, v.86, p.93-103, 2004.

TORAL, F.L.B. **Estimativas de componentes de (co) variância e parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchim.** Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 2004. 97p. Tese (Mestrado) - Universidade Estadual Paulista, 2004.

WOLFINGER, R. Covariance structure selection in general mixed models. **Communications in Statistics**, v.22, n.4, p.1079-1106, 1993.

CAPÍTULO 4 – CONSIDERAÇÕES FINAIS

Adicionalmente à função primária de avaliar tourinhos para desempenho pós-desmame, as PGP podem colaborar na educação, tanto criadores de gado puro como de gado comercial, sobre o valor e a utilização de registros de desempenho e diferenças esperadas na progênie, além de fornecer a oportunidade para novos criadores introduzir seus programas de seleção para potenciais consumidores. Porém a seleção dos animais em PGP tem sido baseada somente no desempenho individual referente à média do grupo de contemporâneos, mas há disponibilidade de incorporação nas avaliações de dados dos anos anteriores que podem estar conectados ano a ano via parentesco, e que podem ser utilizados nas análises para aumentar a acurácia dessas avaliações.

Em gado de corte, diferentes modelos, em relação aos efeitos fixos e aleatórios considerados, tem sido propostos para a estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento. Análises multicaracterísticas ou modelos de regressão aleatória podem melhorar a modelagem dos efeitos genéticos e ambientais das características de desempenho analisadas durante a PGP o que possibilita aumento da acurácia da avaliação dos animais. Além do que, pelo fato do desempenho individual do animal numa PGP depender de fatores genéticos e ambientais pré e pós-desmama, é necessário modelá-los adequadamente nesse curto período de tempo.

Neste estudo, os modelos de regressão aleatória permitem descrever de forma contínua a trajetória das variâncias genéticas e não genéticas para crescimento, de animais participantes em prova de ganho de peso, assim como obter estimativas de parâmetros genéticos para qualquer idade do animal. Quando polinômios de Legendre foram utilizados, se observou certa semelhança do modelo escolhido em relação aos relatados na literatura (SCHENKEL et al, 2002), os quais estimaram funções de covariância para características de crescimento da desmama até 1 ano de idade, para animais participantes de PGPs, em bovinos de corte.

As estimativas de parâmetros genéticos para pesos em idades padrão na PGP, obtidas pelas análises unicaracterística, multicaracterísticas e por modelos de regressão aleatória foram semelhantes, sendo que nos modelos de regressão aleatória foi necessário estimar maior número de parâmetros para os modelos selecionados, de acordo com os critérios utilizados. Além disso, os modelos de regressão aleatória propiciaram correlações genéticas diretas para pesos padrão, mais eficiente em relação às correlações obtidas a partir da análise multicaracterísticas, em que a razão da estrutura que os modelos de regressão impõem sobre a matriz de covariâncias e de uma utilização eficiente dos dados, considerando todas as idades.

Os resultados deste estudo indicam que o uso de informações de parentescos nas análises de dimensão finita e por modelos de regressão aleatória, em comparação à metodologia tradicional, que utiliza somente o desempenho do próprio indivíduo, para avaliar o peso de touros de corte testados em estação experimental, traria um progresso genético maior.

O uso das análises unicaracterística, multicaracterísticas e dos modelos de regressão aleatória na avaliação dos tourinhos participantes das PGP permitiu reclassificar touros superiores baseando-se nos valores genéticos preditos. Estudos adicionais devem ser feitos para avaliar a vantagem do uso de análises de dimensão finita e de modelos de regressão aleatória na avaliação do desempenho de touros de corte em PGP.

ANEXOS

Anexo 1- Estimativas de variâncias (diagonal), covariâncias (abaixo da diagonal) e correlações (acima da diagonal) entre os coeficientes de regressão aleatória e seus autovalores (λ) para os modelos Leg3052_het4, Leg4053_4 para os efeitos genéticos aditivos direto e de ambiente permanente direto e materno, respectivamente.

		0	1	2	3	4	5	6	Λ
Leg352_het4									
Genético Aditivo	0	627,80	0,31	-0,18					633,90
	1	58,50	56,2	-0,09					50,30
	2	-11,80	-1,7	6,90					6,60
Ambiente Permanente Direto	0	640,90	0,68	-0,44	0,05	0,01			682,70
	1	153,90	79,7	-0,17	-0,14	0,37			42,60
	2	-38,90	-5,6	12,10	-0,01	-0,63			12,30
	3	4,50	-4,2	-0,13	11,00	0,11			10,50
	4	0,60	7,0	-4,60	0,79	4,30			0,00
Ambiente permanente Materno	0	253,00	-0,76						
	1	98,90	6,30						
Leg453_het4									
Genético Aditivo	0	625,4	0,31	-0,09	0,19				630,80
	1	55,6	50,6	-0,18	-0,75				46,40
	2	-5,7	-3,3	6,6	0,25				6,30
	3	5,4	-6,2	0,73	1,30				0,29
Ambiente Permanente Direto	0	628,3	0,69	-0,37	0,02	0,01			671,50
	1	156,8	82,5	-0,16	-0,00	0,38			41,90
	2	-29,1	-4,7	9,5	-0,06	-0,72			11,50
	3	1,6	-0,11	-0,61	9,60	0,14			9,10
	4	0,63	7,1	-4,6	0,88	4,20			0,00
Ambiente permanente Materno	0	268,20	-0,70	-0,54					272,60
	1	-30,10	7,00	0,13					4,40
	2	-16,40	0,64	3,40					1,70