

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

**AVALIAÇÃO GENÉTICA MULTIRRACIAL PARA GANHO DE
PESO PRÉ-DESMAMA EM BOVINOS DE UMA POPULAÇÃO
COMPOSTA**

ADRIANA LUIZE BOCCHI

Tese apresentada ao Programa de
Pós-Graduação em Zootecnia, como
parte das exigências para obtenção
do título de Doutor.

BOTUCATU - SP

Agosto – 2006

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

**AVALIAÇÃO GENÉTICA MULTIRRACIAL PARA GANHO DE
PESO PRÉ-DESMAMA EM BOVINOS DE UMA POPULAÇÃO
COMPOSTA**

ADRIANA LUIZE BOCCHI

Zootecnista

ORIENTADOR: Prof. Dr. HENRIQUE NUNES DE OLIVEIRA

Tese apresentada ao Programa de
Pós-Graduação em Zootecnia,
como parte das exigências para
obtenção do título de Doutor.

BOTUCATU - SP

Agosto – 2006

Dedico,

Aos meus pais
Que sempre acreditaram,

Aos meus irmãos
Que sempre me apoiaram,

Ao meu namorado
Pelo amor e dedicação,

Ofereço,

À Deus,
Por tornar tudo isso possível.

**“ Não decore passos, aprenda o
caminho”**

Flaus Vianna (1928 -1992)

Agradeço

À FAPESP, pelo suporte financeiro do projeto e pela bolsa de auxílio durante o período de doutorado,

Ao Prof. Dr. Henrique Nunes de Oliveira, pela orientação, ensinamentos, amizade e paciência durante estes três anos e meio,

À Prof^a. Dr^a. Ana Carolina Espasandin, pela grande amizade, orientação e apoio durante a realização deste trabalho,

À Prof^a. Dr^a. Lucia Galvão de Albuquerque, pela amizade e apoio,

Aos componentes da banca examinadora, Dr. Raysildo Barbosa Lôbo, Dr. Joanir Pereira Eler, Dr. Luiz Artur Loyola Chardulo e Dr. Marcilio Dias Silveira da Mota, pelas sugestões,

Aos novos e velhos amigos que me ajudaram de diversas maneiras em Botucatu: Vanessa, Thalita, Cláudia, Sabrina, André, Leonardo, Anderson, Mirella e Marcelo.

Aos meus amigos: Elenice, Gabriela, Roberta, Ana Rosália, Letícia, Carla, Patrícia Kobal, Patrícia Touni, Amanda, Adriano, Márcio, Annaíza, Fernanda, Renata e em especial à Sarah e Lillian, pela grande amizade e força nos momentos difíceis,

Ao meu namorado, Mauricio que me ajudou muito neste último ano e hoje é essencial em minha vida,

À FMVZ-UNESP e ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia pela oportunidade,

Aos professores do Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal,

Aos funcionários do Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal e Posto de Serviço da Pós-Graduação em Zootecnia, em especial: Luis Carlos, Seila e Carmen,

À minha família e amigos que sempre torceram por mim, compreenderam minha ausência e acreditaram no meu potencial, me apoiando de alguma forma para a realização deste trabalho.

ÍNDICE

CAPÍTULO 1	1
CONSIDERAÇÕES INICIAIS	1
CAPÍTULO 2	13
AVALIAÇÃO DESCRITIVA E GENÉTICA MULTIRRACIAL PARA GANHO DE PESO PRÉ-DESMAMA EM BOVINOS DE UMA POPULAÇÃO COMPOSTA	13
Resumo	14
Abstract	15
Introdução	16
Material e Métodos	17
<i>Origem dos dados</i>	<i>17</i>
<i>Consistência dos dados e formação de arquivo</i>	<i>17</i>
<i>Análises Estatísticas</i>	<i>18</i>
Resultados e Discussão	20
<i>Estatística Descritiva</i>	<i>20</i>
<i>Efeitos Aditivos Raciais dos Tipos Biológicos</i>	<i>24</i>
<i>Efeitos Raciais Maternos dos Tipos Biológicos</i>	<i>26</i>
<i>Efeito da Heterose Individual e Heterose Materna</i>	<i>28</i>
<i>Estimativas de Componentes de Variância e Parâmetros Genéticos</i>	<i>32</i>
Conclusões	33
Referências Bibliográficas	34
CAPÍTULO 3	36
AVALIAÇÃO GENÉTICA MULTIRRACIAL EM BOVINOS UTILIZANDO DADOS SIMULADOS COM BASE EM UMA POPULAÇÃO COMPOSTA	36
Resumo	37
Abstract	38
Introdução	38
Material e Métodos	40
<i>Origem dos dados</i>	<i>40</i>
<i>Análises Estatísticas</i>	<i>41</i>
<i>Comparação entre modelos</i>	<i>45</i>
Resultados e Discussão	45

<i>Efeitos Aditivos Raciais dos Tipos Biológicos</i>	46
<i>Efeitos Raciais Maternos dos Tipos Biológicos</i>	51
<i>Efeitos das Heteroses Individuais.....</i>	53
<i>Efeitos das Heteroses Maternas</i>	55
<i>Estimativas de Componentes de Variância e Parâmetros Genéticos.....</i>	57
<i>Comparação de Modelos.....</i>	60
Conclusão	65
Referências Bibliográficas	65
CAPÍTULO 4.....	67
SIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE AS RAÇAS FORMADORAS DE UM COMPOSTO TROPICAL NO BRASIL.....	67
Resumo	68
Abstract	69
Introdução	70
Material e Métodos.....	71
<i>Origem dos dados.....</i>	71
<i>Caracterização dos animais que formam o composto</i>	72
<i>Definição de novos tipos biológicos.....</i>	74
Resultados e Discussão	76
<i>Caracterização dos animais que formam a população composta.....</i>	76
<i>Estudos das distâncias genéticas entre as raças</i>	81
Conclusões	87
Referências Bibliográficas	87
CAPÍTULO 5.....	89
IMPLICAÇÕES	89
ANEXO 1.....	91
ANEXO 2.....	96

CAPÍTULO 1

CONSIDERAÇÕES INICIAIS

Considerações Iniciais

Nos últimos anos, os setores da cadeia de carne bovina têm procurado um tipo animal que atenda as necessidades mercadológicas. A complementaridade entre as raças proveniente dos cruzamentos tem permitido uma aproximação deste tipo com animais de boa velocidade de crescimento, boa formação e composição muscular e deposição de gordura suficiente para que seja abatido em curto espaço de tempo.

O cruzamento possibilita rápida produção de carne para diversas situações de mercado e de ambientes, sendo bem flexível quanto à adequação dos animais para os objetivos estipulados. Entretanto, deve ser feito conjuntamente com a seleção, pois animais com genética aditiva superior para a produção são fundamentais para o sucesso do cruzamento.

Outra preocupação é a definição dos objetivos de seleção, que dependerá das estratégias estipuladas, incluindo o sistema de cruzamento a ser utilizado. Como não existe um sistema de cruzamento perfeito, a escolha dependerá da demanda do mercado, do ambiente, dos recursos humanos disponíveis e do sistema de produção.

Cundiff et al. (1993), depois de estudos que visavam caracterizar raças bovinas e seus cruzamentos sob diversos aspectos bioeconômicos, concluíram que “nenhuma raça foi superior em todas as características importantes para produção. Deste modo, sistemas de cruzamento que explorem a heterose e a complementaridade e que compatibilizem potencial genético com restrições de mercado, alimentares e climáticas, fornecem o meio mais efetivo de melhorar geneticamente a eficiência de produção”.

Muitos dos “fracassos” na produção de carne utilizando os sistemas de cruzamentos podem ser devidos ao mau planejamento, à falta de a definição de um objetivo, bem como à utilização de animais com genética aditiva inferior.

Mas, os cruzamentos podem trazer problemas quanto ao manejo dos rebanhos, esquemas de cruzamento e retenção de heterose. Visando a manutenção de níveis heteróticos elevados, obtenção de complementaridade e exploração das diferenças genéticas aditivas entre os grupos genéticos, pesquisadores e empresas vem procurando alternativas com o cruzamento de várias raças.

As raças compostas vêm como alternativa para produzir esse tipo animal exigido pelo mercado atualmente. Os compostos são formados pelo cruzamento de várias raças tendo como objetivo a manutenção de níveis heteróticos elevados, obtenção de complementaridade e exploração das diferenças genéticas aditivas entre os diferentes recursos genéticos utilizados nas suas formações. De acordo com Gregory & Cundiff (1999), a heterose retida em gerações posteriores é igual, ou superior, à retenção de heterose esperada, com base na heterozigose, garantindo em longo prazo, a manutenção da produtividade.

A formação de compostos é feita pela combinação genética de várias raças, tornando complexas a definição de composição racial e a avaliação genética. Para contornar essa dificuldade, sem restringir à utilização de raças, ou indivíduos que tragam expressiva contribuição à formação do composto, Ferraz et al. (1999) propuseram o agrupamento dos animais em tipos biológicos, segundo suas semelhanças de tipo, função, fisiologia, aspectos de crescimento e reprodução de acordo com os grupos:

- **Grupo N:** são as raças zebuínas já consideradas “brasileiras” e as de origem africana. São raças adaptadas aos trópicos, resistente à parasitas, de alta rusticidade e bom rendimento de carcaça. Ex.: Nelore, Tabapuã, Gir, Guzerá e Boran;

- **Grupo A:** *Bos taurus* adaptados aos trópicos. São normalmente vindos da Família Sanga (África) e das linhas crioulas (América do Sul). Apresentam grande adaptabilidade aos trópicos, altos níveis de fertilidade e boa qualidade de carcaça. Ex.: Bonsmara, Senepol, Belmonte Red, Caracu, Romo-Sinuano, Afrikander;
- **Grupo B:** animais taurinos de origem britânica. São animais de excelente precocidade sexual e de terminação, crescimento elevado e boa qualidade de carcaça e carne. Ex.: Aberdeen Angus, Devon, Hereford, Red Angus, Red Poll, South Devon, etc;
- **Grupo C:** são bovinos da Europa Continental. Apresentam alto potencial de crescimento, musculabilidade, rendimento e qualidade de carcaça, boa habilidade materna e puberdade precoce. As raças mais utilizadas são deste grupo são Gelbvieh e o Simental.

Esta classificação dos animais para a avaliação do valor genético aditivo pode facilitar de maneira significativa a análise dos dados e a separação dos efeitos da heterozigosidade, além de permitir a entrada de uma nova raça a qualquer hora (Ferraz et al., 1999). Exceto pelo grupo Zebu, com a raça Nelore, nos demais grupos para escolha dos reprodutores utilizados para a formação do composto, o importante não é a determinada raça, mas o touro dentro de qualquer uma das raças pertencentes a um determinado grupo. A meta é propiciar touros que, utilizados em vacas azebuadas ou mestiças, produzam bezerros com aproximadamente metade de sua composição racial nos grupos N e A (animais adaptados a clima tropical) e metade nos grupos B e C (animais altamente produtivos) (Ferraz et al., 2000).

De acordo com Bourdon (1999), para se avaliar o potencial de uma raça composta, deve-se avaliar: o mérito genético das raças formadoras; uniformidade de desempenho;

nível de heterose retida; simplicidade no manejo e nos custos; complementaridade entre as raças; origem das fêmeas de reposição; e acurácia da predição dos valores genéticos.

A dificuldade em se fazer uma avaliação de animais compostos está na composição do seu banco de dados, no qual estão presentes desempenhos de animais de várias raças e várias composições raciais. O modelo animal multicaracterístico, normalmente usado nas avaliações genéticas, não permite comparar e avaliar animais parentais de raças diferentes e seus cruzamentos ao mesmo tempo, dificultando a análise de raças compostas.

Na maioria das avaliações genéticas realizadas em gado de corte, são incluídos animais pertencentes a uma raça e considerada somente a variação genética aditiva. Se os touros forem comparados entre raças ou entre grupos raciais ambas as variações genéticas aditivas e não aditivas devem ser levadas em conta (Elzo & Famula, 1985).

A variação genética aditiva é definida como a ação individual do gene sobre uma característica, isto é, cada raça tem uma base genética aditiva diferente. Este componente de desempenho, para determinada característica, é proporcional à contribuição gênica de cada raça e pode ser calculado por: $A = \frac{1}{2} (P1 + P2)$ em que A é o efeito aditivo e P1 e P2 são as médias do desempenho das duas raças parentais (Cunningham, 1987).

Os efeitos não-aditivos causam os desvios do valor genotípico do heterozigoto em relação à média dos homozigotos. A variância não aditiva inclui interações entre genes de um mesmo locus (dominância e sobredominância), e interações entre dois ou mais genes de diferentes locos (epistasia). Na avaliação multirracial, o efeito genético não aditivo pode ser visto em três níveis: racial (heterose), acasalamento (touro pela raça da mãe), e do próprio indivíduo (dentro da raça).

Em uma avaliação multirracial, cada raça e grupo racial podem ter diferentes valores para as variâncias e covariâncias genéticas aditivas e não aditivas (Elzo, 1990a; Elzo, 1990b). Da mesma forma (co)variâncias ambientais podem diferir entre raças ou grupos raciais. De acordo com Elzo (1994) o grande número de conjuntos de covariâncias aditivas, não-aditivas e ambientais que precisam ser estimadas pode ser drasticamente reduzido se as covariâncias multirraciais forem assumidas como funções lineares de um pequeno conjunto de covariáveis. Por isso desenvolveu procedimentos REML para populações multirraciais que levassem em conta a heterogeneidade de covariâncias por meio de grupos genéticos dos animais; expressar covariâncias genéticas aditivas, não-aditivas e ambientais de grupos genéticos como combinações lineares de um pequeno número de covariâncias e; estimar simultaneamente todos os grupos de covariâncias usados para computar todas as covariâncias genéticas aditivas e não-aditivas e ambientais de qualquer grupo genético dado uma base racial.

Devido à existência de registros de desempenho de várias raças e cruzamentos em seus bancos de dados, algumas instituições americanas começaram a desenvolver avaliação genética multirracial. A “Beef Improvement Federation”, que é responsável pelo estabelecimento das normas e padrões para o melhoramento de gado de corte nos EUA, lista um conjunto de cinco razões para o desenvolvimento de avaliações multirraciais: 1. Muitas associações registraram animais de várias composições raciais durante sua formação; 2. Está crescendo o número de raças compostas; 3. Cresceu o uso do touro F1; 4. Os touros têm tido uso comum em diferentes rebanhos; 5. Há vantagem do uso da avaliação multirracial que calcula os valores de DEPs simultaneamente para várias raças.

O modelo mais simples inclui os efeitos de composição genética na definição de grupos de contemporâneos. Este procedimento, entretanto, não permite aproveitamento

das informações dos efeitos não-aditivos dos genes na seleção dos acasalamentos para a formação da futura progênie. Outro procedimento comumente utilizado nas avaliações genéticas de animais de diversas raças inclui o efeito da heterosigose como fixo, ou seja, supõe que a heterose é proporcional a heterozigose e assim, atribuível apenas aos efeitos de dominância.

De acordo com Pereira (2001), entretanto, apesar da utilização de animais compostos parecer uma estratégia promissora, ainda não há estudos definitivos quanto à retenção de heterose nas raças compostas exploradas nas áreas tropicais, quanto à existência de interação entre heterose e ambiente e quanto aos desempenhos dos compostos nas características de fertilidade, precocidade sexual, velocidade de crescimento e acabamento, entre outras, sob diferentes ambientes e sistemas de exploração.

A necessidade de novas metodologias de avaliação de uma população composta tropical levou a realização desta pesquisa. O tema foi tratado nos capítulos 2, 3 e 4 da presente tese:

O Capítulo 2, denominado **AVALIAÇÃO DESCRITIVA E GENÉTICA MULTIRRACIAL PARA GANHO DE PESO PRÉ-DESMAMA EM BOVINOS DE UMA POPULAÇÃO COMPOSTA** apresenta-se de acordo com as normas para publicação na *Revista Brasileira de Zootecnia*. A meta científica deste trabalho foi estudar modelos com efeitos não-aditivos diretos e maternos em uma população composta em clima tropical, tentando minimizar esses efeitos para obtenção dos valores genéticos dos animais avaliados.

O Capítulo 3, denominado **AVALIAÇÃO GENÉTICA MULTIRRACIAL EM BOVINOS UTILIZANDO DADOS SIMULADOS COM BASE EM UMA**

POPULAÇÃO COMPOSTA apresenta-se de acordo com as normas para publicação na *Revista Brasileira de Zootecnia*. A meta científica deste trabalho foram o de estudar dados simulados com a inclusão dos efeitos aditivos e não-aditivos diretos e maternos com modelos que mais se adequem a estes dados, como também a comparação entre modelos que obtenham valores genéticos mais acurados.

.O Capítulo 4, denominado **SIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE RAÇAS BOVINAS FORMADORAS DE UMA POPULAÇÃO COMPOSTA TROPICAL** apresenta-se de acordo com as normas para publicação na *Revista Brasileira de Zootecnia*.. O objetivo deste trabalho foi o de caracterizar dos pontos de vista produtivo e visual as raças formadoras de uma população composta, assim como estimar os efeitos raciais de um conjunto de caracteres de 19 raças, utilizando informação de uma população multirracial, e agrupar as raças de acordo com suas similaridades.

Referências Bibliográficas

- AHUNU, B.; MAKARECHIAN, M. Influence of birth date, Sex, of calf, breed group and age of dam on preweaning performance of range beef calves. **Can. J. Anim. Sci.**, v.66, p.381-388, 1986.
- ALBUQUERQUE, L. G.; FRIES, L. A. Possíveis causas e conseqüências da não-modelagem de alguns efeitos fixos sobre o ganho médio diário pré-desmama em bovinos de corte. **Rev. Bras. Zootec.**, 1999.
- ARNOLD, J.W.; BERTRAND, J.K.; BENYSHEK, L.L. Animal Model for Genetic Evaluation of Multibreed Data. **J. Anim. Sci.**, v. 70, p.3322-3332, 1992.
- BIF Guidelines. "Chapter 5 – National Cattle Evaluation"
www.beefimprovement.org/guidelines/chap5.pdf (Acessado em 07 de junho de 2003).
- CAMPOS, L. T.; SILVA, P. R.; FRIES, L. A. **Fatores de correção para efeitos ambientais que afetam o ganho de peso do nascimento à desmama em bovinos da raça Nelore:** coletânea de pesquisas inéditas sobre zebu. Uberaba: Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, 1989. p.108-23.
- CANTET, R. J. C.; FERNANDO, R. L. Prediction of breeding values with additive animal models for crosses from 2 populations. **Genet. Sel. Evol.**, v.27, p. 323-334, 1995.
- CARDOSO, V.; ROSO, V. M.; SEVERO, J.L.P. et al. Forming uniform lots of multiple sires and using them in designed matings in a Nelore population. **R. Bras. Zootec.**, v.32, n.4, p.834-842, 2003.
- CUNNINGHAM, E.P. Crossbreeding: The Greek Temple Model. **J. Anim. Breed. Genet.**, v.104, n.1, p.2-11, 1987.
- ELER, J. P.; LÔBO, R. B.; ROSA, A. N. Influência de fatores genéticos e de meio em pesos de bovinos da raça Nelore criados no Estado de São Paulo. **Rev. Soc. Bras. Zootec.**, v.18, n.2, p.103-11, 1989.
- ELZO, M.A.; FAMULA, T.R. Multibreed Sire Evaluation Procedures within a Country. **J. Anim. Sci.**, v. 60, n.4, p. 942-952, 1985.
- ELZO, M. A. Recursive procedures to compute the inverse of the multiple trait additive genetic covariance matrix in inbred and noninbred multibreed populations. **J. Anim. Sci.**, v. 68, p. 1215-1228, 1990a.
- ELZO, M. A. Covariances among sire $\times$ breed group of dam interaction effects in multibreed sire evaluation procedures. **J. Anim. Sci.**, v.68, p.4079-4099, 1990b.
- ELZO, M. A. Restricted maximum likelihood estimation of additive and nonadditive genetic variances and covariances in multibreed populations. **J. Anim. Sci.**, v.72, p.3055-3065, 1994.
- ELZO, M. A. Considerations for the Genetic Evaluation of Straightbred and Crossbred Bulls in Large Multibreed Populations. In: PROC. SYMP. WRCC-100, BRAINERD, MN., 1995, Brainerd. **Anais...** Brainerd, 1995. p.1-21.
- ELZO, M. A. Unconstrained procedures for the estimation of positive definite covariance matrices using restricted maximum likelihood in multibreed populations. **J. Anim. Sci.**, v.74, p. 317-328, 1996.

- ESPASANDIN, A.C.; URIOSTE, J.I.; NAYA, H. et al. Identification of Environment Production Environment in Angus Population of Brazil and Uruguay using cluster analysis. In: WORLD CONFERENCE ON ANIMAL PRODUCTION, 9., 2003, Porto Alegre. **Anais...** Porto Alegre, 2003.
- EVERITT, B.S. **Cluster analysis**. Hampshire: Gower Publishing Company Limited, 1986.
- FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; GOLDEN, B.L. A formação do Composto Montana Tropical. **Rev. Bras. Reprod. Anim.**, v.23, n.2, 1999.
- FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P. Desenvolvimento de bovinos de corte compostos no Brasil: o desafio do projeto Montana Tropical. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., Belo Horizonte, 2000. **Anais...**Belo Horizonte: SBMA, 2000.p.100.
- GOLDEN, B.L.; BOURDON, R.M. Across breed EPD's for Red Angus using additive groups. In: PROC. RESEARCH SYMP, 28., 1996, Alabama. **Anais...** Alabama: Beef Improvement Federation, 1996. CD-ROM.
- GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V. Crossbreeding to use heterosis and breed complementarity. **Rev. Bras. Reprod. Ani.**, v.23, n.2, p.65-70, 1999.
- GARDNER, C.O.; EBERHART, S.A. Analysis and interpretation of variety cross diallel and related populations. **Biometrics**. v.22, p.439-452, 1966.
- GOLDEN, B. L.; BOURDON, R. M.; SNELLING, W. M. Additive genetic groups for animals evaluated in more than one breed association national cattle evaluation. **J. Anim Sci.**, v.72, p.2559-2567, 1994.
- GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V. Breeding program to use heterosis and breed complementary. **Rev. Repro. Anim.**, v.23, n.2, p.65-70, 1999.
- KLEI, L.; QUAAS, R.L.; POLLAK, E.J. et al. Multiple-Breed Evaluation. In: PROC. RESEARCH SYMP, 28., 1996, Alabama. **Anais...** Alabama: Beef Improvement Federation, 1996. p.93-105.
- KOCH, R.M.; DICKERSON, G.E.; CUNDIFF, L.V. et al. Heterosis retained in advanced generations of crosses among Anguns and Hereford cattle. **J. Anim. Sci.** v.60, n.5, p.1117-1132, 1985.
- LO, L. L.; FERNANDO, R. L.; GROSSMAN, M. Covariance between relatives in multibreed populations: additive model. **Theor. Appl. Genet.**, v.87, p. 423-430, 1993.
- LO, L.L., FERNANDO, R.L.; CANTET R.J.C. et al. Theory for modelling means and covariances in a two-breed population with dominance inheritance. **Theor. Appl. Genet.**, v.90, p. 49-62, 1995.
- MASCIOLI, A.S.; PAZ, C.C. P.; EL FARO, L. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para características de crescimento até a desmama em bovinos da raça Canchim. **Rev. Bras. Zootec.**, v.26, n.4, p.709-13, 1997.
- MILLER S.P.; GODDARD M.E. The super-breed approach to modelling additive and non-additive genetic effects between and within breeds in multi-breed evaluations. In: PROCEEDINGS 6TH WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 23., 1998, Armidale. **Anais...** Armidale, 1998. p.97-100.

- MILLER, S.P. Genetic Evaluation and Mating in Multi-breed Beef Cattle Populations. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 36., 1999, Porto Alegre. **Anais...** Porto Alegre: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1999. CD-ROM.
- MILLER, S.P.; WILTON, J.W.; SULLIVAN et al. Distributions of genetics evaluations obtained with a multi-breed animal model. In: WORLD CONGR. GENET. APPL. LIVEST. PROD. 5., 1994. **Anais...** 1994.
- PAZ, C. C. P.; ALBUQUERQUE, L. G.; FRIES, L. A. Efeitos ambientais sobre ganho de peso no período do nascimento ao desmame em bovinos da raça Nelore. **Rev. Bras. Zootec.**, v.28, n.1, p.55-64, 1999.
- PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento Genético Aplicado à produção Animal**. 3. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2001. 555p.
- POLLAK, E.J.; QUAAS., R.L. Multibreed genetic evaluations of beef cattle. In: WORLD CONGR. GENET. APPL. LIVEST. PROD., 6., 1998. **Anais...** 1998. p. 23-81.
- QUAAS, R.L.; POLLAK, E.J. Modified equations for sire models with groups. **J. Dairy Sci.**, v.64, p.1868-1872. 1981.
- QUAAS, R. L. Additive genetic model with groups and relationships. **J. Dairy Sci.**, v.71, p.1338-1345, 1988.
- RODARTE, M.M.S. **O caso das minas que não se esgotaram: a pertinência do antigo núcleo central minerador na expansão da malha urbana da minas gerais oitocentista**. Centro de Desenvolvimento e Planejamento Regional da Universidade Federal de Minas Gerais, 1999. 179p. Dissertação (Mestrado em Economia). Centro de Desenvolvimento e Planejamento Regional da Universidade Federal de Minas Gerais, 1999.
- ROBISON, O.W.; MACDANIEL, B.T.; RINCON, E.J. Estimation of Direct and Maternal Additive and Heterotic Effects from Crossbreeding Experiments in Animals. **J. Anim. Sci.**, v.52, n.1, p.44-50, 1981.
- ROUGHSEGE, T.; THOMPSON, R.; VILLANUEVA, B. et al. Synthesis of Direct and Maternal Genetic-Components of economically important traits from beef breed-cross evaluations. **J. Anim. Sci.**, v.79, p.1713-1722. 2001.
- ROBISON, O.W., McDANIEL, B.T., RINCON, E.J. Estimation of direct and maternal additive and heterotic effects from crossbreeding experiments in animals. **J. Anim. Sci.**, v.52, n.1, p.44-50. 1981.
- ROBINSON, G.K. Group effects and computing strategies for models for estimating breeding values. **J. Dairy Sci.**, v.69, n.12, 1986.
- RODRIGUEZ-ALMEIDA, F.A.; VAN VLECK, L.D.; GREGORY, K.E. Estimation of direct and maternal breed effects for prediction of expected progeny differences for birth and weaning weights in three multibreed populations. **J. Anim. Sci.**, v. 75, p.1203-1212, 1997.
- SACCO, R.E.; BAKER, J.F.; CARTWRIGHT, T.C. et al. Heterosis retention for birth and weaning characters of calves in the third generation of a five-breed diallel. **J. Anim. Sci.**, v.69, p.4754-4762, 1991.
- SAS INSTITUTE. **SAS/STAT, user's guide, version 6.12**, 4th ed. Cary, 1998. 842p.

- SILVA, L.O.C.; ROSA, A.N.; NOBRE, P. R. C. et al. Análise de pesos de bovinos Nelore criados a pasto no Estado de São Paulo, Brasil. **Pesqui. Agropec. Bras.**, v.22, n.11/12, p.1245–56, 1987.
- VAN RADEN, P.M. Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetic evaluation of large populations. **J. Dairy Sci.**, v.75, p. 3136, 1992.
- THOMPSON, R. Sire Evaluation. **Biometrics**. v.35, p.339-353. 1979.
- WESTELL, R.A. **Simultaneous evaluation of sires and cows for a large population**. Ithaca, NY: Cornell University, 1984. Ph. D. Dissertation. Cornell University, 1984.
- WESTELL, R.A.; QUAASS R.L.; VAN VLECK L.D. Genetic groups in an animal model. **J. Dairy Sci.** v.71, p.1310-1318, 1988.
- WILTON, J.W.; MILLER, S.P. Multi-breed evaluations for breed cattle. In: BEEF IMPROVEMENT FEDERATION GENETIC PREDICTION WORKSHOP. 4., 1994. **Anais...** 1994.
- ZWALD, N.R.; WEIGEL, K.A.; FIKSE, F. et al. Application of a multi-trait herd cluster model for genetic evaluation of Dairy Sire from seventeen countries. **J. Dairy Sci.**, v.86, p.376-382, 2003.

CAPÍTULO 2

AVALIAÇÃO DESCRITIVA E GENÉTICA MULTIRRACIAL PARA GANHO DE PESO PRÉ-DESMAMA EM BOVINOS DE UMA POPULAÇÃO COMPOSTA

AVALIAÇÃO DESCRITIVA E GENÉTICA MULTIRRACIAL PARA GANHO DE PESO PRÉ-DESMAMA EM BOVINOS DE UMA POPULAÇÃO COMPOSTA¹

Adriana Luize Bocchi², Henrique Nunes de Oliveira³

Resumo - Os compostos são formados pelo cruzamento de várias raças tendo como objetivo a manutenção de níveis heteróticos elevados e exploração das diferenças genéticas aditivas entre os diferentes recursos genéticos utilizados nas suas formações. A dificuldade na avaliação genética destes animais é a grande variedade de composições genéticas dentro de um mesmo rebanho. Novos modelos têm sido estudados com a inclusão de efeitos aditivos e não aditivos, entretanto, poucos trabalhos com raças tropicais. O objetivo do trabalho foi estudar modelos com efeitos não-aditivos diretos e maternos em uma população composta em clima tropical, tentando minimizar esses efeitos para obtenção dos valores genéticos dos animais avaliados. Foram utilizados dados de animais de uma população composta. Foram comparados três modelos que incluíram os efeitos fixos de grupo contemporâneo, ordem de parto e heterose direta e materna e os efeitos aleatórios de efeito genético aditivo direto e materno. As análises foram realizadas em duas etapas, na primeira foram estudadas as estimativas dos efeitos raciais e de heterose individual e materna e na segunda etapa calculadas as variâncias, herdabilidades e os valores genéticos dos animais. Quando o efeito materno não foi considerado no modelo pareceu superestimar o efeito aditivo racial. Os efeitos aditivos raciais, racial materno e de heterose individual e materna influenciaram significativamente o ganho médio diário no pré-desmame, obtendo diferentes estimativas entre os tipos biológicos. Considerando o arquivo de dados corrigidos para os efeitos não-aditivos diretos e maternos, a herdabilidade direta foi de 0,22 e a materna de 0,20. O efeito racial materno e de heterose individual e materna foram importantes fontes de variação para o ganho médio diário no pré-desmame e devem ser considerados durante a avaliação genética de uma população multirracial.

Palavras-Chaves: efeito materno, herdabilidade, heterose, tipos biológicos

¹ Projeto financiado pela FAPESP, parte da tese do primeiro autor

² Aluna de Doutorado em Zootecnia – FMVZ / Unesp – Botucatu - dribocchi@hotmail.com

³ Professor Adjunto do Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal – FMVZ / Unesp – Botucatu.

DESCRIPTIVE AND GENETIC MULTIRACIAL EVALUATION FOR PREWEANING DAILY GAIN IN BOVINE OF A COMPOSITE POPULATION

Abstract - The composite are formed by the crossing of several breeds as objective the maintenance of high heterotic levels and exploration of the additive genetic differences among the different genetic resources used in their formations. The difficulty in the genetic evaluation of these animals is the great variety of genetic compositions inside of a same flock. New models have been studied with the inclusion of additive effects and non-additive, however, few works with tropical breeds. The objective of the work was to study models with direct and maternal non-additive effects in a population composed in tropical climate, trying to minimize those effects for obtaining the genetic values of the analysed animals. There were used data of composite population. They were compared three models that included the fixed effects of contemporary group, birth order and direct and maternal heterosis and the random effects of direct and maternal additive genetic effect. The analyses were accomplished in two stages, in the first they were studied the estimates of the racial effects and individual and maternal heterosis; and in the second stage calculated the variances, heritability and the genetic values of the animals. When the maternal effect was not considered in the model seemed to overestimate the racial additive effect. The racial additive, maternal racial and individual and maternal heterosis effects significantly influenced the preweaning daily gain, obtaining different estimates among the biological types. Considering the data file corrected for the direct and maternal non-additive effects, the direct heritability was 0.22 and the maternal was 0.20. The maternal racial effect and individual and maternal heterosis were important variation sources for the preweaning daily gain and they should be considered during the genetic evaluation of a multiracial population.

Key-words: biological type, heritability, heterosis, maternal effect

Introdução

O cruzamento é uma ferramenta importante para aumentar a eficiência da produção de carne por meio da heterose e complementaridade entre raças (Gregory & Cundiff, 1999). Muitos criadores têm utilizado o cruzamento e, há alguns anos, empresas e instituições de pesquisa vêm utilizando animais cruzados para gerar raças compostas (Pereira, 2001).

O Brasil possui uma população de 164 milhões de bovinos, 79,3% de corte (Anualpec, 2006), e 80% da população de bovinos de corte é composta por animais da raças zebu ou cruzamentos de zebu (Josahkian, 2000). Em consequência, existe um grande número de sub-populações de vários tamanhos, com composição racial *Bos indicus* × *Bos indicus* e *Bos indicus* × *Bos taurus*, as quais se enquadram na descrição de população multirracial.

Entretanto, a grande maioria dos procedimentos utilizados nas principais avaliações genéticas no Brasil é dentro de raça, mesmo que muitas das populações avaliadas sejam multirraciais, ou animais (particularmente touros) dessas populações sejam usados para cruzamentos

Os animais cruzados servem como ligações entre as populações parentais de raças puras, gerando, assim, uma população multirracial simples, composta de animais puros e cruzados. Dois aspectos complicam a análise genética de populações multirraciais. Os efeitos genéticos não-aditivos entre raças podem ser importantes para algumas características em algumas combinações de raças, e a heterogeneidade de variâncias e covariâncias pode existir entre grupos raciais (puros e cruzados). Se os touros forem comparados entre raças ou entre grupos raciais ambas as variações genéticas aditivas e não aditivas devem ser levadas em conta (Elzo & Famula, 1985).

Dessa maneira, os dados de populações multirraciais devem ser analisados usando-se procedimentos adequados, em que sejam considerados os efeitos genéticos aditivos e não-aditivos, bem como a heterogeneidade de variâncias e covariâncias diante de grupos de raças puras e cruzadas. Em contraste, se são usados procedimentos intraraciais para analisar dados multirraciais, estes não explicam os efeitos genéticos não-aditivos, assumindo que as características apresentam as mesmas variâncias e covariâncias em todos os grupos raciais (raças puras e cruzadas).

Assim, parece relevante discutir a possibilidade de empreender esforços em tarefas de pesquisa e desenvolvimento sobre procedimentos de avaliação genética multirracial.

O objetivo deste trabalho foi estudar modelos com efeitos não-aditivos diretos e maternos em uma população composta em clima tropical, tentando minimizar esses efeitos para obtenção dos valores genéticos dos animais avaliados.

Material e Métodos

Origem dos dados

No presente trabalho foram utilizados dados de desempenho de animais de uma população composta. Foram disponibilizadas para a análise dados de pesagens de 198.422 animais cruzados criados em diferentes fazendas. Os dados foram fornecidos em três arquivos: de pedigree, de dados de medidas e informações de manejo e o terceiro com as informações de composição racial.

Consistência dos dados e formação de arquivo

Os grupos contemporâneos (GCs) foram definidos pelas seguintes variáveis: fazenda de nascimento, fazenda de medida, sexo do bezerro, ano e época de nascimento e lote de manejo na desmama. Deste arquivo foram retirados os animais: com pais ou mães desconhecidos; filhos de reprodutores múltiplos; pertencentes aos grupos

contemporâneos (GCs) com menos de cinco animais com mensurações válidas, apenas um touro, grupos formados por apenas uma composição racial; e animais com composições que totalizavam valores diferentes de 100%.

Depois de realizada a consistência foi formado um arquivo de produção com dados de 84.621 animais distribuídos em 1.549 GCs, e um arquivo de pedigree, composto de 154.417 animais.

Realizou-se o agrupamento das raças em quatro tipos biológicos (TB): N (Zebu), A (Adaptado), B (Britânico) e C (Continental), denominado sistema NABC (Ferraz et al., 1999). A partir das informações constantes do arquivo foram criadas quatro variáveis com as porcentagens de cada tipo biológico que o animal apresentava em sua formação.

A proporção de cada TB na composição genética do animal foi calculada a partir da composição racial do animal: PN, PA, PB, PC; e do mesmo modo para a composição racial da mãe: MN, MA, MB, MC. A heterozigose foi estimada para cada combinação de TBs no animal, pelo produto da proporção genética relativa ao TB da mãe pela proporção genética relativa ao TB do pai, gerando as seguintes variáveis: HNA, HNB, HNC, HAB, HAC, HBC; se $PTB =$ proporção do TB do animal; e $MTB =$ proporção do TB da mãe, portanto $HTB_1TB_2 =$ heterozigose esperada pela proporção de $MTB_1 \times TTB_2 + TTB_1 \times MTB_2$.

A heterozigose materna (HM) foi estimada, somando-se todos os produtos das proporções genéticas relativas dos TBs do pai pelo da mãe da vaca.

Análises Estatísticas

A característica utilizada nas análises foi o ganho médio diário do nascimento ao desmame ajustado para 205 dias de idade do bezerro (GMD). Foram realizadas análises uni-característica e considerou-se um conjunto de efeitos fixos (GC, ordem de parto,

heterose e heterose materna) e aleatórios (genético aditivo direto; aditivo materno e residual). As análises foram realizadas em duas etapas.

A primeira etapa tinha como objetivo principal obter as estimativas dos efeitos não-aditivos (heterose) diretos e maternos. As análises foram realizadas pelo método dos quadrados mínimos, com modelos lineares incluindo apenas os efeitos fixos. Foi utilizado o procedimento GLM do software SAS (1998) e foram testados três modelos que incluíram os efeitos de GC e ordem de parto e ainda: Modelo 1 - efeito aditivo racial e de heterose; Modelo 2 - efeito aditivo racial, de heterose e efeito racial materno; Modelo 3 - efeito aditivo racial, de heterose, racial materno e de heterose materna.

O efeito genético aditivo de cada TB foi estimado como o coeficiente de regressão parcial na proporção daquele TB presente na composição racial do animal, no caso do efeito direto, ou na composição racial de sua mãe no caso de efeito materno. Estes valores foram sempre estimados em relação ao TBN. Os efeitos genéticos não-aditivos foram estimados por regressão parcial da proporção da fração de heterozigose esperada correspondente a cada combinação de TBs no indivíduo. No caso dos efeitos maternos, os efeitos genéticos não-aditivos foram estimados pela regressão da heterozigose esperada na mãe, independente da combinação de TBs. Para um maior estudo e devido a importância do efeito materno, foram obtidas as estimativas das combinações entre os TBs para heterose materna.

Obtidas as soluções de quadrados mínimos os dados foram ajustados para os efeitos de heterose direta e materna, dependendo do modelo analisado. A estimação destes efeitos e o ajuste dos dados antes da análise definitiva, visou diminuir a variabilidade devida à heterose sem interferir nos efeitos aditivos. Desta forma, a predição dos valores genéticos aditivos individuais pode ser realizada sem a

interferência dos efeitos não-aditivos resultantes da heterozigose esperada em função das diferenças genéticas entre TBs.

Na segunda etapa os dados de GMD já ajustado para os efeitos não-aditivos, conforme os resultados da primeira etapa, foram analisados com um modelo misto, utilizando-se o programa MTDFREML (Boldman et al., 1995). Nesta etapa foram obtidas as estimativas de componentes de variâncias e de parâmetros genéticos pelo procedimento de máxima verossimilhança restrita utilizando o algoritmo livre de derivadas sempre sob modelo animal. Supôs-se que a covariância entre os efeitos genéticos aditivos, direto e materno, era zero, seguindo recomendação de Benyshek et al. (1988) e Schaeffer (1996) que consideram que em dados provenientes de rebanhos comerciais geralmente este tipo de informação não é muito adequada para estimação desta covariância. Para essa análise foram utilizados dois modelos: Modelo 1 - efeito genético aditivo direto; Modelo 2 - efeitos genéticos aditivos, direto e materno.

Estes modelos foram propostos para avaliar a capacidade de separar os efeitos não-aditivos de heterose (direta e materna) dos efeitos aditivo direto e materno para cada TB. Matematicamente, generalizando, o modelo pode ser representado por: $y = Xb + Za + Wm + e$, sendo que: y = vetor de observações pré-ajustadas para os efeitos não-aditivos de heteroses; b = vetor dos efeitos fixos; a = vetor de efeito aleatório aditivo direto; m = vetor de efeito aleatório aditivo materno; e = vetor do efeito aleatório residual, X , Z , W são matrizes de incidência dos efeitos, associando respectivamente aos elementos de b , a e m .

Resultados e Discussão

Estatística Descritiva

Na Tabela 1 são apresentados as distribuições e o GMD médio observado de acordo com as 10 composições genéticas que apresentaram maior número de animais

existentes no rebanho.

Tabela 1. Frequência, desvio-padrão e média observada do ganho-médio-diário no período pré-desmame (GMD) das 10 composições genéticas numericamente mais expressivas no arquivo.

Table 1. Frequency, standard deviations and observed mean of the preweaning-daily-gain (GMD) of the 10 more numerical expressive genetic compositions in the file.

Proporção do tipo biológico <i>Biological type proportion</i>				Nº. de animais <i>Number of animals</i>	GMD (g) médio <i>GMD mean</i>	Desvio Padrão (g) <i>Standard deviations</i>
PN	PA	PB	PC			
0,250	0,500	0,250	0	24.451	789,2	145,7
0,500	0	0,500	0	13.959	738,6	125,8
0,250	0,250	0,250	0,250	8.980	766,2	152,6
0,250	0,500	0	0,250	7.926	781,9	140,5
0,500	0	0	0,500	3.219	771,1	118,4
0,250	0,250	0,500	0	2.025	807,7	146,4
0,500	0	0,250	0,250	1.996	742,0	143,5
0,250	0,375	0,250	0,125	1.995	684,8	163,1
0,125	0,750	0,125	0	1.348	715,7	123,6
0,250	0,500	0,125	0,125	1.198	694,3	157,5

Foram calculadas as médias observadas de GMD para os bezerros (machos e fêmeas, Tabela 2), para cada ano (Tabela 3) e mês de nascimento do bezerro (Tabela 4).

Tabela 2. Análise descritiva do ganho-médio-diário na pré-desmama (GMD) em gramas por sexo do bezerro.

Table 2. Descriptive analysis of the preweaning-daily-gain (GMD) for calf sex.

Descrição <i>Description</i>	Fêmea <i>Female</i>	Macho <i>Male</i>
Número de animais	40.463	44.158
Média (g)	728,1	785,1
Desvio-padrão (g)	135,1	151,8
Máximo (g)	1327,8	1428,6
Mínimo (g)	179,3	195,0

Os bezerros machos apresentaram ganhos mais elevados do que as fêmeas. Diversos trabalhos têm encontrado efeito significativo do sexo do animal sobre os pesos em diferentes idades, sendo que os machos, em geral, são mais pesados que as fêmeas. Dentre eles estão: Ahunu & Makarechian (1986), Silva et al. (1987), Eler et al. (1989) e Mascioli et al. (1997). Por tratar-se de médias simples, sem ajuste para outros efeitos,

estas diferenças podem ser devidas também a efeitos de manejo diferenciado, para machos e fêmeas.

Tabela 3. Análise descritiva do ganho-médio-diário na pré-desmama (GMD) em gramas por ano de nascimento do bezerro.

Table 3. Descriptive analysis of the preweaning-daily-gain (GMD) for calf's year of birth.

Ano de nascimento <i>Year of birth</i>	GMDND		
	Nº. de animais <i>Number of animals</i>	Média (g) <i>Mean (g)</i>	Desvio-padrão (g) <i>Standard deviations</i>
1995	244	769,2	109,8
1996	57	681,0	98,4
1997	115	812,3	124,0
1998	701	747,0	166,0
1999	15191	777,3	144,6
2000	14906	772,3	139,9
2001	22183	734,3	143,7
2002	19201	748,7	142,8
2003	11969	774,0	161,8
2004	54	653,8	110,4

O ano de nascimento é um fator importante que afeta o crescimento dos animais. De acordo com a Tabela 3 observa-se uma variação na média de GMD ao longo dos anos. Até 1998 poucos dos animais utilizados na formação da raça tinham todas as informações necessárias para serem avaliados adequadamente. Como uma forma de ajustar para estes efeitos de meio, o ano de nascimento foi considerado na definição de grupo contemporâneo. Neste caso, não só o efeito principal de cada um destes fatores é considerado, como também a interação entre eles. Assim, apesar do pequeno número de observações nos anos iniciais, eles permaneceram nos estudos.

O GMD de acordo com o mês de nascimento (Tabela 4) apresentou flutuações durante os meses. Os maiores ganhos ocorreram entre os meses de agosto e outubro e a maior diferença para o GMD ocorreu entre o mês de fevereiro e setembro, sendo esta de 214,1g. Outros autores encontraram resultados semelhantes, com ganhos ou pesos ao desmame mais elevados em animais nascidos entre os meses de agosto à outubro (Paz et al., 1999; Bocchi et al, 2005).

Tabela 4. Análise descritiva do ganho-médio-diário (GMD) em gramas por mês de nascimento do bezerro.

Table 4. Descriptive analysis of the preweaning-daily-gain (GMD) for calf's month of birth.

Mês de nascimento <i>Month of birth</i>	GMD		
	Nº. de animais <i>Number of animals</i>	Média (g) <i>Mean (g)</i>	Desvio-Padrão (g) <i>Standard deviations (g)</i>
1	2.482	639,6	123,9
2	832	598,1	112,4
3	529	628,8	151,8
4	121	690,4	162,5
5	114	726,7	97,7
6	711	718,6	118,6
7	2.127	723,9	120,1
8	6.394	776,3	146,5
9	20.832	812,2	145,1
10	24.831	773,1	140,0
11	17.861	726,5	134,4
12	7.787	697,8	138,0

Na Figura 1 pode ser observada a distribuição dos valores observados de GMD dos 84.621 animais pertencentes ao arquivo. A distribuição apresenta simetria assemelhando-se a curva normal.

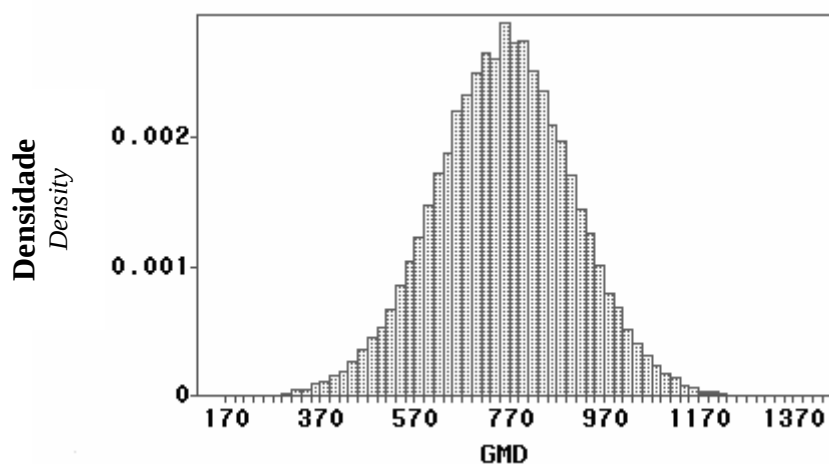


Figura 1. Distribuição dos valores de ganho-médio-diário observado na pré-desmama (GMD).

Figure 1. Distribution of observed preweaning-daily-gain values (GMD).

Depois de realizada a consistência, os dados observados foram analisados pelos três modelos da 1ª. Etapa, formando três arquivos com dados ajustados de acordo com

o modelo proposto. O coeficiente de determinação e variação e os desvios padrão obtidos no ajustamentos dos três modelos são apresentadas na Tabela 5.

Estes valores são similares aos encontrados em outros estudos, como em Bocchi (1999), Paz et al. (1999), Teixeira et al. (2003), Teixeira (2004).

O coeficiente de determinação teve um leve aumento conforme se foi adicionando efeitos nos modelos (Modelo 1 ao 3). Entretanto a variação foi pequena, provavelmente porque o efeito de GC, que tem grande influência sobre a característica, sendo responsável pela maior proporção da soma de quadrado total, está presente em todos os modelos.

Tabela 5. Coeficiente de determinação (R^2) e de variação (CV) e, desvios padrão (DP) para a característica de ganho-médio-diário observado na pré-desmama (GMD) em função dos Modelos 1, 2 e 3.

Table 5. Determination coefficient (R^2) and of variation (CV) and, standard deviations (DP) for the observed preweaning-daily-gain trait (GMD) in function of the Models 1, 2 and 3.

Modelo	R^2 (%)	CV%	Média (g)	DP
<i>Model</i>	<i>R^2 (%)</i>	<i>CV%</i>	<i>Mean (g)</i>	<i>DP</i>
1	50,68	13,73	757,81	104,09
2	51,11	13,67	757,81	103,64
3	51,47	13,62	757,81	103,26

Efeitos Aditivos Raciais dos Tipos Biológicos

As estimativas para o efeito aditivo racial foram expressas como desvios do PN e são apresentadas graficamente na Figura 2.

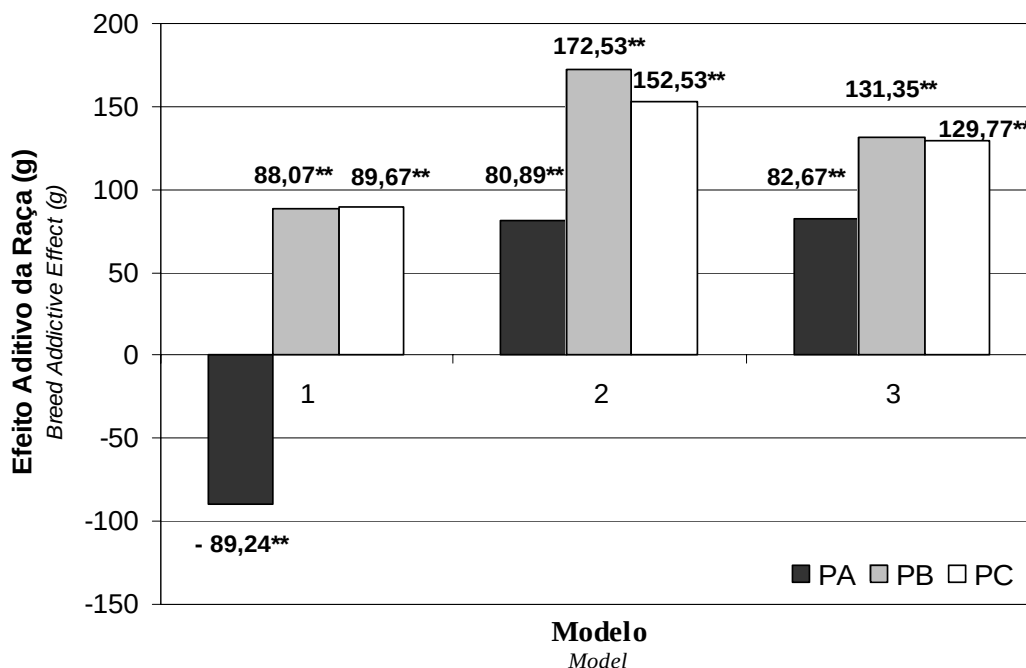


Figura 2. Estimativas dos efeitos aditivos raciais estimados de acordo com a proporção racial relativa aos tipos biológicos Zebu (PN), Adaptado (PA), Britânico (PB) e Continental (PC) e calculados em relação à PN, pelos modelos 1, 2 e 3 da 1ª. Etapa, para o ganho médio diário pré-desmame de bovinos compostos.

Figure 2. Estimates of the breed additive effects by the relative racial proportion to the biological types Zebu (PN), Adapted (PA), British (PB) and Continental (PC) and made calculations in relation to PN, for the models 1, 2 and 3 of the 1st. Stage, for preweaning-daily-gain of composed bovine.

Todos os valores são apresentados como desvios de PN, que portanto, tem valor zero. No modelo 1, que não inclui os efeitos maternos, o PN apresenta valores intermediários, enquanto PA apresenta valores mais baixos. Nos modelos 2 e 3, que incluem os efeitos aditivos maternos, as posições de PN e PA se invertem. Isto parece indicar que parte do efeito negativo atribuído ao efeito direto de PA no Modelo 1, seja na verdade decorrente da pouca habilidade materna destes animais.

Teixeira et al. (2003) observou a mesma situação em que bezerros da raça Angus apresentaram desempenho superior aos animais Nelore. Entretanto, o mesmo autor, observou que os bezerros da raça Hereford apresentaram um desempenho inferior ao dos animais puro Nelore.

O comportamento obtido no presente trabalho também foi observado por Mourão (2005), trabalhando com os mesmos dados do presente estudo, entretanto com a

característica de peso ao desmame. De acordo com o autor, as menores estimativas obtidas no modelo que não inclui o efeito materno podem estar contaminadas por este efeito.

Entretanto, as estimativas para PB e PC foram mais similares entre si do que as encontradas por Mourão (2005). Durante a formação desta população composta, provavelmente os animais britânicos tenham sido escolhidos em função da DEP para crescimento, favorecendo animais de maior porte em relação à média destas raças e também a maior semelhança ao tipo continental, como pode ser observado na Figura 2.

Com exceção do Modelo 1, os resultados apresentam efeito aditivo racial superior para PA, PB e PC em relação à PN. Tendência semelhante foi encontrada por Euclides Filho et al. (1998), que avaliando peso ao desmame em animais mestiços Europeu-Zebu, observaram um efeito aditivo racial superior para as raças Simental, Charolês e Chianina em relação à raça Nelore. Os autores apontaram esse resultado como esperado devido ao maior porte das raças européias, sendo que este estaria relacionado a um maior potencial de crescimento.

Efeitos Raciais Maternos dos Tipos Biológicos

As estimativas para o efeito racial materno são expressas como desvios do MN, para os dados de GMD presentes no arquivo e apresentadas na Figura 3.

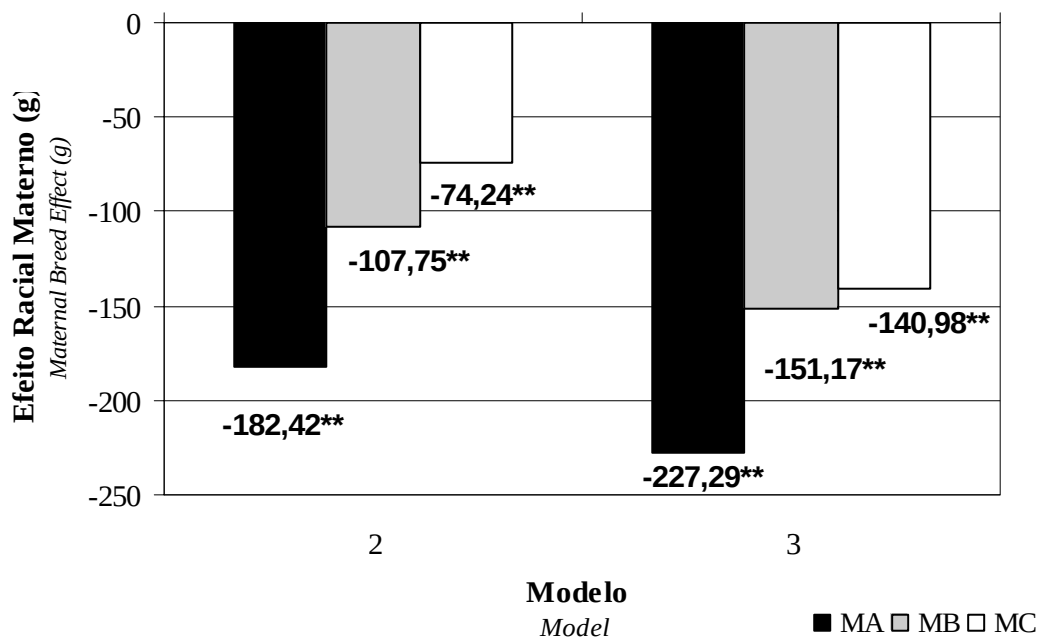


Figura 3. Estimativas dos efeitos raciais maternos estimados de acordo com a proporção racial relativa aos tipos biológicos Zebu (PN), Adaptado (PA), Britânico (PB) e Continental (PC) e calculados em relação à PN, pelos modelos 2 e 3 da 1ª. Etapa, para o ganho médio diário pré-desmame de bovinos compostos.

Figure 3. Estimates of the maternal breed effects by the relative racial proportion to the biological types Zebu (PN), Adapted (PA), British (PB) and Continental (PC) and made calculations in relation to PN, for the models 2 and 3 of the 1st. Stage, for preweaning-daily-gain of composed bovine.

Com relação aos efeitos aditivos maternos o MN apresenta os maiores valores. Este resultado não seria esperado uma vez que a habilidade materna dos Zebuínos não é geralmente considerada mais alta do que aquela dos animais de raças britânicas. Mourão (2005) observou o mesmo comportamento como efeitos aditivos negativos para MA, MB e MC como desvio de MN. De acordo com o mesmo autor estes resultados expressam a importância do efeito materno pós-natal sobre o peso ao desmame.

Da mesma forma que para os efeitos aditivos raciais estimados pelo modelo 1, o maior valor negativo para MA representa uma contribuição desfavorável dos genes deste grupo para habilidade materna, levando a menores ganhos no pré-desmame.

Franke et al. (1994) observaram que filhos de vacas Hereford quando comparados com Charolês, Angus e Brahman foram os que apresentaram menor ganho. Teixeira et al. (2003) observou um GMD de 198g/dia negativo para bezerros das vacas Hereford

em relação aos bezerros das vacas Nelore. Pollak & Quaas (1998) comentaram a dificuldade em incluir os efeitos direto e materno na análise de dados não experimentais, recomendando a incorporação de dados com boa estrutura para a estimação dos componentes genéticos.

Mourão (2005) observou que o MC não diferiu do MN, do mesmo modo observou Franke et al. (2001) com relação às raças Charolês e Brahman. Entretanto, no presente trabalho o efeito para MN foi maior que para MC.

Observa-se que os efeitos aditivos maternos foram menores quando os efeitos não-aditivos foram adicionados no modelo (Modelo 3), indicando que estes valores estavam contaminados com os efeitos de heterose materna no Modelo 2.

Efeito da Heterose Individual e Heterose Materna

As mesmas estimativas de heterose e heterose materna são apresentadas graficamente na Figura 4. A maioria das estimativas foram altamente significativas. Roso et al. (1998) também observaram que as heteroses materna e individual influenciaram significativamente o ganho de peso do nascimento ao desmame, sendo linear a relação com as heterozigoses.

Considerando-se o Modelo 3 foram obtidos valores de 24,80% para a heterose individual total e 8,66% para a heterose materna. Valores semelhantes foram obtidos por Roso et al. (1998) que observaram maiores valores para a heterose materna (15,46%) e menores para heterose individual (9,10%).

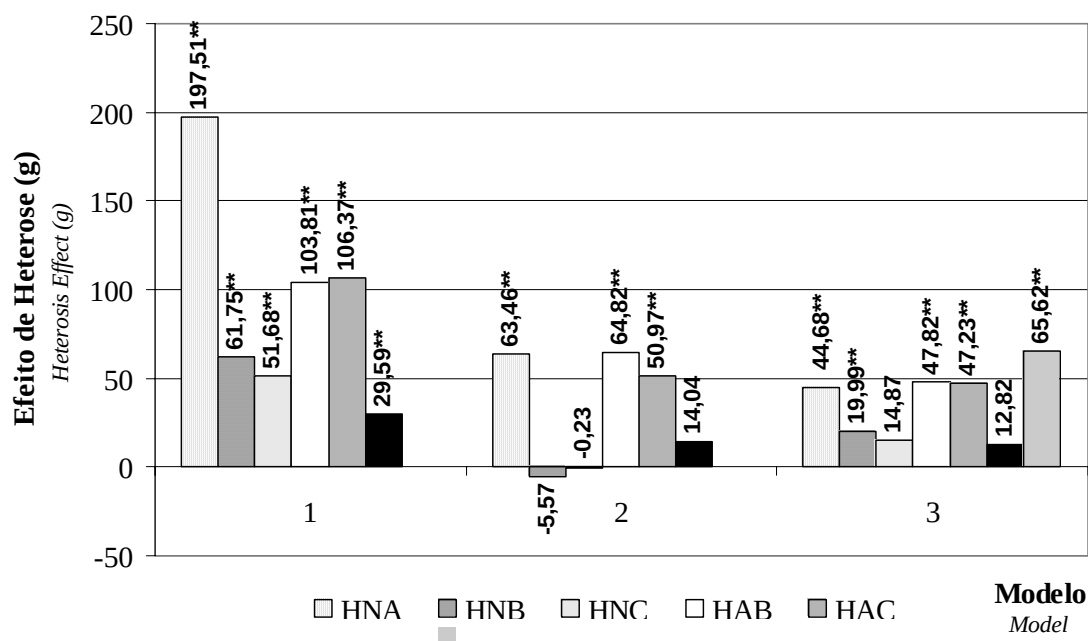


Figura 4. Estimativas dos efeitos das heteroses e heterose materna, estimadas pelos modelos de análise 1, 2 e 3 na 1ª. Etapa, para ganho médio diário no pré-desmame de bovinos compostos.

Figure 4. Estimates of the heterosis and maternal heterosis effects, estimated for the models of analysis 1, 2 and 3 in the 1st. Stage, for preweaning-daily-gain of bovine composed.

Analisando as heteroses observa-se que enquanto não é incorporado o efeito materno as maiores estimativas são para o HNA, seguidas da HAC e HAB, depois que o efeito materno é colocado no modelo, as estimativas diminuem e os valores de HNA e HAB praticamente se igualam. Já quando a heterose materna está presente (Modelo 3), os maiores valores são de HAC e HAB, mas com pouca diferença para HNA, devido aos maiores animais resultantes de cruzamentos entre os HBA e HBC.

É interessante notar que para as estimativas de HNB e HNC apesar de apresentar valores relativamente altos para o Modelo 1, quando o efeito materno é incorporado no modelo há uma grande diminuição nestes valores, tendo um leve acréscimo quando a heterose materna está presente. Estes resultados não estão de acordo com o que seria esperado em função da possível distância genética entre as raças. A maior distância entre o Zebu e os demais tipos biológicos deveriam produzir maior heterose para as combinações que incluíssem o Zebu.

Teixeira et al. (2003) trabalhando com animais cruzados Nelore x Britânicos verificou valores de heterose de 40,68g/dia e de heterose materna de 73,88g/dia para indivíduos F1. Considerando-se o Modelo 3 para HNB e HM os obtidos foram menores que os do autor, entretanto estes foram obtidos para indivíduos de diversas composições raciais.

Pode-se observar também, que os efeitos em magnitude foram em sua maioria semelhantes entre os Modelos 2 e 3, entretanto foram bem mais elevados para o Modelo 1. Pode ser um indicativo de que o efeito materno esteja inflacionando as estimativas para as heteroses individuais, pois não foi considerado no modelo 1. Mesmo comportamento foi averiguado por Mourão (2005) com peso à desmama, quando não incluiu o efeito materno no modelo.

No modelo 3 o efeito de heterose materna é superior a todos os efeitos de heterose individual, indicando a sua influência no desenvolvimento de bezerros compostos durante a fase de aleitamento. Elzo et al. (1998) também verificaram estimativas de efeito genético maternos consistentemente maiores que as estimativas para o efeito não-aditivo direto para pesos ao nascimento e à desmama.

Devido à influência deste efeito, a heterose materna foi subdividida nas combinações. As estimativas obtidas de acordo com os coeficientes de regressão parciais para o Modelo 3 são apresentadas na Figura 5.

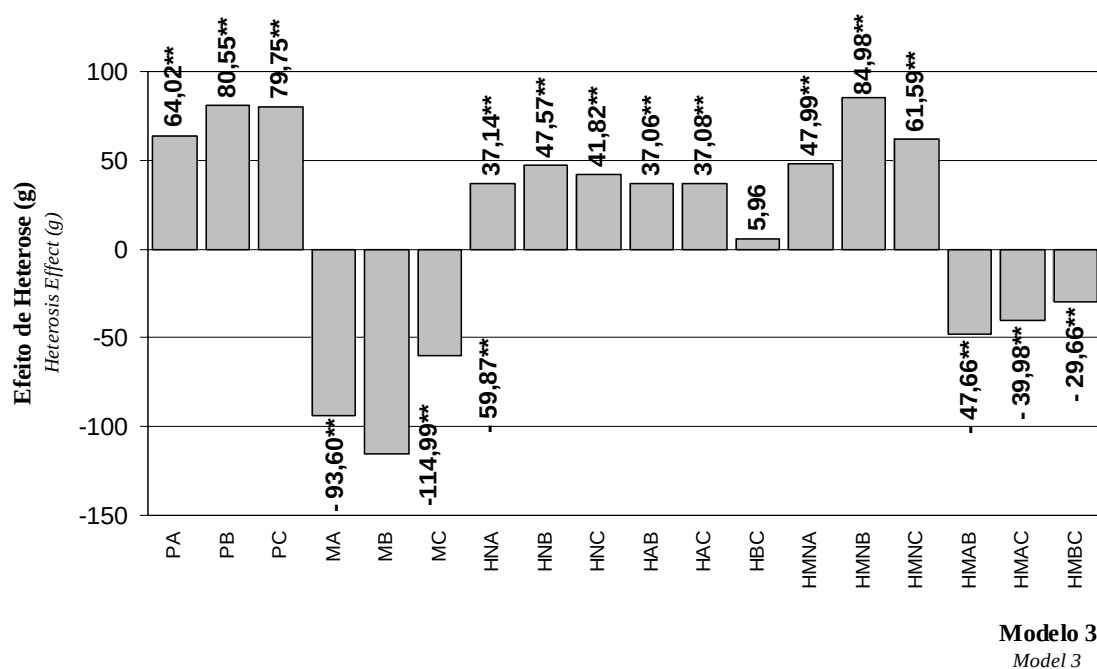


Figura 5. Estimativas dos efeitos aditivo racial, racial materno, heterose e heterose materna, estimadas pelo modelo de análise 3 na 1ª. Etapa, para ganho médio diário de bovinos compostos durante o período pré-desmame.

Figure 5. Estimates of breed additive, maternal breed, heterosis and maternal heterosis effects, estimated for the model of analysis 3 in the 1st. Stage, for preweaning-daily-gain of bovine composed.

Analisando-se a Figura 5, as estimativas para os valores aditivos raciais (PN, PA, PB e PC) mantiveram a mesma ordem, entretanto foram obtidos valores bem menores que os visualizados no Modelo 3 sem particionar a heterose materna.

Para os efeitos raciais maternos ocorreram maiores mudanças. Na análise anterior a menor estimativa era para MA, com MB e MC quase equivalentes. Além da alteração na ordem das características, os valores foram bem menores que os anteriores, com maior diferença para MA.

O comportamento para as heteroses HNA, HAB e HAC se manteve igual à análise anterior. Entretanto para HNB e HNC, apesar da diferença se manter constante com relação à anterior (em torno de 5 g), os valores foram mais elevados que as demais estimativas, enquanto que antes eram maiores apenas à HBC.

Do mesmo modo, as estimativas para as heteroses maternas HMNB e HMNC são mais elevadas que as demais, com HMNB com maior valor. Os valores para HMAB,

HMAC, HMBC foram negativos. É interessante observar que para as heteroses maternas que continham proporção de Zebu foram positivas, enquanto as demais foram negativas, o mesmo comportamento observado em relação ao efeito racial materno, em que as estimativas para MN foram superiores, enquanto MA, MB e MC foram negativas.

Estes resultados estão bem mais de acordo com o que seria esperado em função das distâncias genéticas entre raças. Embora, a heterose materna negativa não fosse esperada.

Estimativas de Componentes de Variância e Parâmetros Genéticos

Os valores das variâncias e herdabilidades diretas e maternas podem ser observados na Tabela 6.

Tabela 6. Variâncias aditivas (σ^2_a), maternas (σ^2_m) e ambientais (σ^2_e) e herdabilidades para as características de ganho-médio-diário pré-desmame (GMD).

Table 6. Additive (σ^2_a), maternal (σ^2_m) and environmental variances (σ^2_e) and heritability for preweaning-daily-gain trait (GMD).

1ª.Etapa Modelo 1st. Stage Model	2ª. Etapa 2nd Stage									
	Modelo 1 (Sem efeito materno)					Modelo 2 (Com efeito materno)				
	<i>Model 1 (without maternal effect)</i>					<i>Model 2 (with maternal effect)</i>				
	σ^2_a	σ^2_m	σ^2_e	h^2	h^2_m	σ^2_a	σ^2_m	σ^2_e	h^2	h^2_m
1	7363,5	-	5073,9	0,59	-	3525,2	1853,0	6227,3	0,30	0,16
2	7434,6		5053,0	0,60	-	2606,3	2227,9	6546,3	0,23	0,20
3	7494,6	-	4993,4	0,60	-	2439,1	2294,2	6582,4	0,22	0,20

Analisando a Tabela 6, verifica-se que quando o efeito aditivo materno foi incorporado no modelo, houve uma grande redução da herdabilidade (h^2) e variâncias aditivas dos efeitos diretos. As herdabilidades dos efeitos maternos (h^2_m) foram de valor moderado. Estes resultados indicam a importância do efeito materno no desenvolvimento do animal no período pré-desmame.

Quando o efeito materno foi incluído no modelo da 1ª. Etapa (Modelo 1 para o 2), a h^2 diminuiu 23%, enquanto a h^2_m aumentou em 25% no Modelo 2 da 2ª. Etapa.

Entretanto, já quando os dados foram ajustados para o efeito de heterose materna, (modelo 2 para o modelo 3 da 1ª. Etapa) não houve praticamente nenhuma diferença entre as estimativas de variâncias e herdabilidades.

Em revisão feita sobre as características de crescimento, Mercadante et al. (1995) verificaram valores de h^2 com amplitude de 0,14 à 0,52 e para h^2_m de 0,04 à 0,28.

Os valores de h^2 foram semelhantes à Teixeira et al. (2003) que trabalhando com a estimação de efeitos de heterose materna e individual sobre o ganho médio diário na pré-desmama de animais cruzados Angus x Nelore e Hereford x Nelore verificaram valores de 0,19. Entretanto os valores para h^2_m foram de 0,05, menores aos do presente trabalho. Paz et al. (1999) também observaram herdabilidade de 0,06 para ganho do nascimento à desmama. Entretanto, Mourão (2005) observaram valores de h^2 de 0,26 e h^2_m de 0,20 para a característica de peso à desmama.

Os valores de herdabilidade encontrados no presente trabalho estão de acordo com a literatura, entretanto as estimativas ficam inflacionadas quando não se considera o efeito materno, indicando a importância da inclusão deste efeito no modelo de análise.

Conclusões

O efeito racial materno e as heteroses individual e materna são importantes fatores de variação e devem ser considerados na análise da característica de ganho-médio-diário no pré-desmame em rebanhos multirraciais.

O efeito materno influe no ganho médio diário pré-desmame e deve ser utilizado para estimação dos valores genéticos de animais de rebanhos compostos.

Referências Bibliográficas

- AHUNU, B.; MAKARECHIAN, M. Influence of birth date, Sex, of calf, breed group and age of dam on preweaning performance of range beef calves. **Can. J. Anim. Sci.**, v.66, p.381-8, 1986.
- ANUALPEC 2004- FNP. **Anuário estatístico da produção animal**. São Paulo. FNP, 2006.
- ARNOLD, J.W.; BERTRAND, J.K.; BENYSHEK, L.L. Animal Model for Genetic Evaluation of Multibreed Data. **J. Anim. Sci.**, v. 70, p.3322-3332, 1992.
- ARTHUR, P. F., H. HEARNshaw, STEPHENSON, P.D. Direct and maternal additive and heterosis effects from crossing Bos Indicus and Bos Taurus cattle: Cow and calf performance in two environments. **Livestock Prod. Sci.**, 57: 231-241, 1999.
- BENYSHEK, L.L.; JOHNSON, M.H.; LITTLE, D.E. et al. Application of an animal model in the United States beef cattle industry. **J. Ani. Sci.**, v.71, p.35-53, 1988.
- BOCCHI, A. L. **Efeito da idade da vaca e da data juliana de nascimento sobre o ganho médio diário de bezerros de corte no período pré-desmame**. Jaboticabal, 1999. 119p. Trabalho de Graduação. Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista.
- BOCCHI, A.L.; TEIXEIRA, R.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Idade da Vaca e Mês de Nascimento sobre o Peso ao Desmame de Bezerros Nelore nas Diferentes Regiões Brasileiras. **Acta Scientiarum**, v. 26, n. 4, p. 475-482, 2005.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. et al. **A manual for use of MTDFREML- a set of programs to obtain estimates of variances and covariances** (DRAFT). Lincoln, USDA-ARS, 1995.
- ELER, J. P., LÔBO, R. B., ROSA, A. N. Influência de fatores genéticos e de meio em pesos de bovinos da raça Nelore criados no Estado de São Paulo. **Rev. Soc. Bras. Zootec.**, v. 18, n.2, p.103-11, 1989.
- ELZO, M.A.; FAMULA, T.R. Multibreed Sire Evaluation Procedures within a Country. **J. Anim. Sci.**, v. 60, n.4, p. 942-952, 1985.
- ELZO, M.A.; WAKEMAN, D.L. Covariance components and prediction for additive and non-additive preweaning growth genetic effects in a Angus-Brahman multibreed herd. **J. Ani. Sci.**, v.76, p.1290-1302, 1998.
- EUCLIDES FILHO, K. et al. Beef cattle preweaning growth and rate of weight gain as affected by genetic group. In: 6th WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 23., 1998, Armidale, Austrália. **Proceedings...** Armidale, Austrália: 1998. p.197-200.
- FRANKE, D.E.; SMITH, C.; GAVORA, J.S. et al. Effects for beef cattle preweaning traits. In: 5th WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 17., 1994, Guelf, Ontario, Canada. **Proceedings...** Guelf, Ontario, Canada: 1994. p.296-299.
- FRANK, D. E. et al. Direct and maternal genetic effect on birth and weaning traits in multibreed cattle data and predicted performance of breed crosses. **J. An. Sci.**, Champaign, v.79, p.1713-1722, 2001.
- GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V. Crossbreeding to use heterosis and breed

- complementarity. **Rev. Bras. Reprod. Ani.**, v.23, n.2, p.65-70, 1999.
- JOSAHKIAN, L. A. Genetic improvement program for Zebu breeds. Proc. 3rd Natl. Anim. Improv. Symp. 2000. Disponível em: <<http://www.sbmaonline.org.br/anais/iii/iiip09.pdf>> (Acesso em: 20 jan. 2006)
- MASCIOLI, A. S., PAZ, C. C. P., EL FARO, L., ALENCAR, M. M., TREMATORE, R. L., ANDRADE, A. B. F., OLIVEIRA, J. A. L. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para características de crescimento até a desmama em bovinos da raça Canchim. **Rev. Bras. Zootec.**, v.26, n.4, p.709-13, 1997.
- MERCADANTE, M.E.Z.; LÔBO, R.B.; BORJAS, B.R. et al. Parâmetros genéticos para características de crescimento em cebuínos de carne: Uma revisão. **Arch. Latinoam. Prod. Ani.**, v.3, n.1, p.45-89, 1995.
- MOURÃO, G. B. **Estimação de efeitos genéticos aditivos diretos e maternos não aditivos e, predição do desempenho de pesos, perímetro escrotal e musculabilidade em uma população de bovinos de corte compostos (*Bos taurus* x *Bos indicus*)**. Pirassununga: Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, 2005. 109p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, 2005.
- PAZ, C.C.P.; ALBUQUERQUE, L.G.; FRIES, L.A. Efeitos ambientais sobre ganho de peso no período do nascimento ao desmame em bovinos da raça Nelore. **Rev. Bras. Zootec.**, v.28, n.1, p.55-64, 1999.
- PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento Genético Aplicado à produção Animal**. 3. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2001. 555p.
- POLLAK, J.; QUAAS, R.L. Multibreed evaluation of beef cattle. In: 6th WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 23., 1998, Armidale, Austrália. **Proceedings...** Armidale, Austrália: 1998. p.81-88.
- ROSO, V.M.; FRIES, L.A. Maternal and individual heterozygosities and heterosis on preweaning gain of Angus x Nelore calves. In: 6th WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 23., 1998, Armidale, Austrália. **Proceedings...** Armidale, Austrália: 1998. p.105-108.
- SAS INSTITUTE. **SAS/STAT, user's guide, version 6.12**, 4th ed. Cary, 1998. 842p.
- SCHAEFFER, L.R. Tópicos avançados em melhoramento genético animal. Notas do mini-curso. DMGA/Unesp/Jaboticabal, 1996.
- SILVA, L.O.C.; ROSA, A.N.; NOBRE, P.R. C. et al. Análise de pesos de bovinos Nelore criados a pasto no Estado de São Paulo, Brasil. **Pesqui. Agropec. Bras.**, v.22, n.11/12, p.1245-56, 1987.
- TEIXEIRA, R.; ALBUQUERQUE, L.G. Efeitos ambientais que afetam o ganho de peso pré-desmama em animais Angus, Hereford, Nelore e mestiços Angus-Nelore e Hereford-Nelore. **Rev. Bras. Zootec.**, Viçosa, MG, v. 32, n. 4, p.887-890, 2003.
- TEIXEIRA, R.A. **Efeitos genéticos aditivos e não aditivos que influenciam características reprodutivas e de crescimento em bovinos de corte**. 2004. 83p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2004.

CAPÍTULO 3

AVALIAÇÃO GENÉTICA MULTIRRACIAL EM BOVINOS UTILIZANDO DADOS SIMULADOS COM BASE EM UMA POPULAÇÃO COMPOSTA

AVALIAÇÃO GENÉTICA MULTIRRACIAL EM BOVINOS UTILIZANDO DADOS SIMULADOS COM BASE EM UMA POPULAÇÃO COMPOSTA⁴

Adriana Luize Bocchi⁵, Henrique Nunes de Oliveira⁶

Resumo - As avaliações genéticas no Brasil são realizadas dentro de cada raça, entretanto com a gama de grupos genéticos existentes no país e o aumento da utilização do cruzamento como forma de rápida produção de carne, vem exigindo programas mais elaborados, que avaliem animais de diferentes grupos genéticos conjuntamente. A dificuldade na avaliação genética de uma raça composta é a grande variedade de composições genéticas dentro de um mesmo rebanho. Outra dificuldade é a inclusão dos efeitos genéticos não-aditivos entre raças, que podem ser importantes para algumas características em algumas combinações de raças. Novos modelos têm sido estudados com a inclusão de efeitos aditivos e não aditivos, entretanto poucos trabalhos com raças tropicais. O objetivo deste trabalho foi de utilizar a simulação dos valores genéticos para avaliar os modelos utilizados, por meio da comparação dos modelos. A não inclusão do efeito materno no modelo superestima a variância e herdabilidade direta. As estimativas dos efeitos aditivos dos tipos biológicos são influenciadas pelos efeitos maternos, entretanto, as estimativas dos efeitos não-aditivos sofrem pouca influencia dos efeitos maternos, sendo bem estimados em qualquer situação. Os modelos estudados estimam bem os valores genéticos diretos.

Palavras-chave: comparação de modelos, heterose, heterose materna, parâmetros genéticos

⁴ Projeto financiado pela Fapesp; parte da tese do primeiro autor.

⁵ Aluna de Doutorado do curso de Zootecnia – FMVZ / Botucatu. dribocchi@hotmail.com

⁶ Professor Adjunto do Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal – FMVZ / Botucatu.

MULTIRACIAL GENETIC EVALUATION IN BOVINE USING SIMULATED DATA WITH BASE IN A COMPOSITE POPULATION

Abstract - The genetic evaluations in Brazil are accomplished inside of each breed, meantime with the range of existent genetic groups in the country and the increase of the use of the crossing as form of fast meat production, is demanding programs more elaborated, that evaluated animals of different genetic groups jointly. The difficulty in the genetic evaluation of a composite breed is the great variety of genetic compositions inside of a same herd. Another difficulty is the inclusion of the non-addictive genetic effects among breeds that can be important for some traits in some combinations of breeds. New models have been studied with the inclusion of addictive effects and non-addictive, however few works with tropical breeds. The aim of this work was using the simulation of the genetic values to evaluate the used models, through the comparison of the models. The non inclusion of the maternal effect in the model overestimates the variance and direct heritability. The estimates of the biological types addictive effects are influenced by the maternal effects; however, the estimates of the non-addictive effects suffer little it influences of the maternal effects, being well estimated in any situation. The studied models esteem the direct genetic values well.

Key-words: comparison of models, genetic parameters, heterosis, maternal heterosis.

Introdução

Os sistemas cruzamentos, apesar de representarem uma importante ferramenta para produção de carne, devem ser realizados de forma planejada e sempre utilizando animais com efeito genético aditivo superior. Vários estudos ressaltam a influência dos efeitos não-aditivos sobre o desempenho de animais cruzados. (Quaas & Pollak, 1981; Gregory & Cundiff, Arnold et al., 1992).

Entretanto existe uma dificuldade na modelagem dos efeitos não-aditivos, devido ao confundimento e conseqüente multicolinearidade entre estes e outros efeitos. Os efeitos não-aditivos causam os desvios do valor genotípico de heterozigoto em relação à média dos homozigotos e a variância não-aditiva inclui interações entre genes de um mesmo locus (dominância e sobredominância), como também interações entre dois ou mais genes de diferentes loci (epistasia). Na avaliação multirracial, o efeito genético não-aditivo pode ser visto em três níveis: racial (heterose), acasalamento (touro pela raça da mãe), e do próprio indivíduo (dentro da raça).

Rodriguez-Almeida et al. (1997) aplicaram o modelo multirracial de Arnold et al. (1992) de forma simplificada, utilizando dois conjunto de dados: o primeiro com raças para formação de três reças compostas e o segundo a soma do primeiro conjunto mais dados experimentais com cruzamentos e acasalamentos apropriados para promover uma melhor estrutura para estimação dos efeitos em uma análise multirracial. De acordo com os autores é necessária a incorporação de dados experimentais de alguma forma dos dados de campo para atingir estimativas satisfatórias dos efeitos em modelos multirraciais.

Uma das formas de se realizar análises comparativas de metodologias estatísticas ou diferentes modelos é a simulação. De acordo com Pereira (2001) com a simulação pode-se gerar valores genéticos e residuais para alguma característica para um conjunto de animais hipotéticos ou não e, a partir destes, gerar dados fenotípicos que permitam a comparação de diferentes metodologias.

No caso de um conjunto de dados real, a simulação dos valores genéticos dos animais, permitiria que os modelos propostos fossem comparados, verificando aquele que mais se adapta a estrutura de dados existente.

Os objetivos deste trabalho foram estudar dados simulados com a inclusão dos efeitos aditivos e não-aditivos diretos e maternos com modelos que mais se adequem a estes dados, como também a comparação entre modelos que obtenham valores genéticos mais acurados.

Material e Métodos

Origem dos dados

Foi utilizado um arquivo de dados de uma população composta de 84.621 animais distribuídos em 1.549 GCs, com uma matriz de parentesco de 154.417 animais, como base para a simulação dos valores de ganho-médio-diário do nascimento ao desmame (GMD). Foi realizado o agrupamento das raças em quatro tipos biológicos (TB) de acordo com Ferraz et al. (1999) formando os grupos: N (Zebu), A (Apaptado), B (Britânico), C (Continental).

A proporção de cada TB na composição genética do animal foi calculada a partir da composição racial do animal e do mesmo modo para a composição racial da mãe, formando as variáveis: PN, PA, PB, PC; e MN, MA, MB E MC; sendo: TB=N, A, B e C; PTB= proporção do TB; e MTB=proporção do TB da mãe. A heterozigose foi estimada para cada combinação de TBs no animal, pelo produto da proporção genética relativa ao TB da mãe pai pela proporção genética relativa ao TB do pai, gerando as seguintes variáveis: HNA, HNB, HNC, HAB, HAC, HBC; Sendo: $HTB_1TB_2 =$ heterozigose esperada pela proporção de $MTB_1 \times TTB_2 + TTB_1 \times MTB_2$.

A variável da heterozigose materna foi estimada do mesmo modo, gerando as seguintes variáveis: HMNA, HMNB, HMNC, HMAB, HMAC, HBMC; Sendo: $HMTB_1TB_2 =$ heterozigose esperada pela proporção de $MTB_1 \times TTB_2 + TTB_1 \times MTB_2$, com

MTB e TTB em relação à mãe do animal.

Análises Estatísticas

Devido à complexidade estrutural populacional deste conjunto racial, considerando-se a possibilidade de confundimentos entre os diferentes efeitos incluídos no modelo, foi realizado um estudo de simulação buscando estabelecer o melhor modelo para cada possível situação. Para esta simulação foi utilizada a mesma estrutura de pedigree e distribuição dos dados do arquivo utilizado na análise com os dados observados. Foi utilizada a característica de ganho médio diário do nascimento aos 205 dias de idade do bezerro (GMD).

A simulação foi realizada pelo procedimento IML do programa para análises estatísticas SAS (1998), utilizando as informações de pedigree, composição racial dos animais e heterozigoses direta, bem como médias e variâncias diretas e maternas. Foram simulados valores genéticos, de ambiente e fenotípicos, incluindo o efeito genético aditivo racial e de heterose. Além desses também foram simulados efeitos raciais maternos e de heterose materna, para formação de três tipos de arquivos de dados simulados: Arquivo 1: efeito aditivo racial e de heterose; Arquivo 2: efeito aditivo racial, de heterose e racial materno; Arquivo 3: efeito aditivo racial, de heterose, racial materno e heterose materna. Os valores genéticos (direto e materno) foram simulados para os animais fundadores (de raças puras), considerando a existência de um efeito genético aditivo médio para cada TB e, a partir deles os valores genéticos dos descendentes obtidos como a metade dos valores genéticos dos pais, mais a simulação da fração resultante da segregação mendeliana.

Os três arquivos de dados foram simulados com quatro diferentes grupos de parâmetros e, para cada um destes grupos, foram realizadas cinco repetições. Estes grupos foram chamados de S1, S2, S3 e S4. Das repetições foram feitas as médias das

estimativas para cada grupo. Os parâmetros utilizados para cada simulação são apresentados na Tabela 1. Os parâmetros para os efeitos aditivos racial, raciais maternos, de heterose individual e materna foram considerados como desvios da média.

Tabela 1. Parâmetros utilizados para as quatro simulações (S1, S2, S3 e S4) dos valores de ganho-médio-diário no pré-desmame (GMD).

Table 1. Parameters used for the four simulations (S1, S2, S3 e S4) of the preweaning-daily-gain values (GMD).

Parâmetros Parameters	Valores Values			
	S1	S2	S3	S4
σ_a	55 g	55 g	55 g	55 g
σ_m	20 g	20 g	20 g	20 g
σ_e	75 g	75 g	75 g	75 g
Média	425 g	425 g	425 g	425 g
PN	- 45 g	- 45 g	- 45 g	- 45 g
PA	- 55 g	- 55 g	- 55 g	- 55 g
PB	- 15 g	- 15 g	- 15 g	- 15 g
PC	115 g	115 g	115 g	115 g
MN	- 25 g	5 g	- 10 g	- 10 g
MA	- 15 g	35 g	35 g	20 g
MB	25 g	-10 g	5 g	5 g
MC	5 g	- 30 g	-30 g	- 15 g
HNA	- 85 g	-65 g	-65 g	-65 g
HNB	35 g	55 g	55 g	55 g
HNC	75 g	85 g	85 g	85 g
HAB	- 125 g	-65 g	-65 g	-65 g
HAC	-45 g	-15 g	-15 g	-15 g
HBC	- 5 g	5 g	5 g	5 g
HMNA	- 35 g	5 g	5 g	5 g
HMNB	- 15 g	-15 g	-15 g	-15 g
HMNC	25 g	15 g	15 g	15 g
HMAB	- 45 g	-45 g	-45 g	-45 g
HMAC	10 g	5 g	5 g	5 g
HMBC	55 g	35 g	35 g	35 g

σ_a = desvio-padrão genético direto; σ_m = desvio-padrão genético materno; σ_e = desvio-padrão fenotípico; σ_c = desvio-padrão de ambiente permanente; PN, PA, PB e PC = valores de ganho-médio-diário pós-desmame referente à proporção da composição dos tipos biológicos Zebu, Adaptado, Britânico e Continental, respectivamente; MN, MA, MB, MB = proporção do tipo biológico da mãe Nelore, Adaptado, Britânico, Continental; HNA, HNB, HNC, HAB, HAC e HBC = valores de heterose direta em GMD referente à proporção de heterozigose de acordo com a combinação dos tipos biológicos; HMNA, HMNB, HMNC, HMAB, HMBC = valores de heterose materna em GMD referente à proporção de heterozigose materna de acordo com a combinação dos tipos biológicos.

Average = 425 g; σ_a = direct genetic deviation-pattern; σ_m = maternal genetic deviation-pattern; σ_e = phenotypic deviation-pattern; σ_c = permanent environment deviation-pattern; PN, PA, PB and PC = preweaning-daily-gain values of the composition proportion of biological types Zebu, Adapted, British and Continental, respectively; MN, MA, MB, MB = proportion of the mother biological type Zebu, Adapted, British, Continental; HNA, HNB, HNC, HAB, HAC and HBC = values of direct heterosis in GMD regarding the heterozigose proportion by the biological types combination; HMNA, HMNB, HMNC, HMAB, HMBC = values of maternal heterosis in GMD regarding the proportion of maternal heterozigose by the biological types combination.

Foram realizadas análises uni-característica e considerou-se um conjunto de efeitos fixos (GC, ordem de parto, heterose individual e materna) e aleatórios (genético aditivo direto, materno e residual). As análises foram realizadas em dois estágios.

No primeiro estágio, que tinha como objetivo principal obter as estimativas dos efeitos não-aditivos (heterose) diretos e maternos, as análises foram realizadas pelo método dos quadrados mínimos, com modelos lineares incluindo apenas efeitos fixos. Foi utilizado o procedimento GLM do software SAS (1998) e foram testados três modelos que incluíram os efeitos de GC e ordem de parto e ainda: Modelo 1: efeito aditivo racial e de heterose; Modelo 2: efeito aditivo racial, de heterose e racial materno; Modelo 3: efeito aditivo racial, de heterose, racial materno e heterose materna.

O efeito genético aditivo de cada TB foi estimado como o coeficiente de regressão parcial da proporção daquele TB presente na composição racial do animal, no caso do efeito direto, ou na composição racial de sua mãe no caso de efeito materno. Estes valores foram sempre estimados em relação ao TBN. Os efeitos genéticos não-aditivos foram estimados por regressão parcial da proporção da fração de heterozigose esperada correspondente a cada combinação de TBs no indivíduo e para os efeitos genéticos não-aditivos maternos, correspondente a cada combinação de TBs na mãe.

Obtidas as soluções de quadrados mínimos os dados foram ajustados para os efeitos de heterose direta e materna, dependendo do modelo que foi utilizado. A estimação destes efeitos e o ajuste dos dados antes da análise definitiva, visou diminuir a variabilidade devida à heterose sem interferir nos efeitos aditivos. Desta forma, a predição dos valores genéticos aditivos individuais é realizada sem a interferência dos efeitos não-aditivos.

Na segunda etapa as análises foram realizadas utilizando-se o programa MTDFREML (Boldman et al., 1995). A variável analisada foi o GMD ajustado para os

efeitos não-aditivos, conforme os resultados da primeira etapa. Foram obtidas as estimativas de componentes de variâncias e de parâmetros genéticos pelo procedimento de máxima verossimilhança restrita utilizando o algoritmo livre de derivadas sempre sob modelo animal. Para essa análise foram utilizados dois modelos: Modelo 1: efeito genético aditivo direto; Modelo 2: efeitos genéticos aditivos, direto e materno.

Combinando as simulações e os modelos utilizados, foram realizadas 18 análises que apresentadas na Tabela 2.

Tabela 2. Simulações feitas e modelos utilizados para a análise do GMD.

Table 2. Simulations and models used for the analysis of GMD.

Análise <i>Analyse</i>	Arquivo de Simulação <i>Simulation File</i>	1ª. Etapa Modelos <i>1st. Stage</i>	2ª. Etapa Modelos <i>2nd. Stage</i>
A111	1	1	1
A211	2	1	1
A311	3	1	1
A121	1	2	1
A221	2	2	1
A321	3	2	1
A131	1	3	1
A231	2	3	1
A331	3	3	1
A112	1	1	2
A212	2	1	2
A312	3	1	2
A122	1	2	2
A222	2	2	2
A322	3	2	2
A132	1	3	2
A232	2	3	2
A332	3	3	2

Estes modelos foram propostos para avaliar a capacidade de separar os efeitos não-aditivos de heterose (direta e materna) e aditivo direto e materno de acordo com a proporção relativa de cada tipo biológico.

Matricialmente, o modelo pode ser representado por: $y = Xb + Za + Wm + e$, em que y = vetor de observações pré-ajustadas para os efeitos não-aditivos de

heterozigotes; $\mathbf{b}$ = vetor dos efeitos fixos; $\mathbf{a}$ = vetor de efeitos aleatórios genético-aditivos diretos; $\mathbf{m}$ = vetor de efeitos aleatórios genético-aditivos maternos; $\mathbf{e}$ = vetor do efeito aleatório residual, $\mathbf{X}$, $\mathbf{Z}$, $\mathbf{W}$ são matrizes de incidência dos efeitos, associando respectivamente aos elementos de $\mathbf{b}$, $\mathbf{a}$ e $\mathbf{m}$.

Comparação entre modelos

O critério utilizado para avaliar a capacidade de predição entre os 18 conjuntos de parâmetros obtidos pelos modelos estudados foi baseado nos resultados das estimativas dos componentes de variância, herdabilidade e da análise de regressão entre os valores genéticos estimados (VEd e VEm – direto e materno) e valores genéticos simulados (VSd e VSm – direto e materno) utilizando o Procedimento GLM e o SAS/INSIGHT.

Resultados e Discussão

As estatísticas descritivas obtidas para GMD são apresentadas na Tabela 3. Vale lembrar que apesar dos efeitos fixos de GC e ordem de parto estarem sendo considerados nos modelos, não foram simulados.

A inclusão dos efeitos raciais maternos na simulação parece ter influenciado muito o coeficiente de determinação (R^2). Entretanto, a inclusão do mesmo no modelo não conseguiu explicar a variação observada. A inclusão do efeito racial materno na simulação diminuiu o R^2 , entretanto, quando foi incluído também o efeito de heterose materna na simulação, o coeficiente de determinação (R^2) aumentou, independente da inclusão dos efeitos maternos no modelo. É interessante notar que o R^2 , bem como os outros parâmetros apresentados na Tabela 3, dependeu mais da simulação do que do modelo utilizado para análise.

O efeito de grupo contemporâneo não foi incluído na simulação, apesar disto, este efeito foi incluído no modelo e representa a maior parte da soma de quadrados totais.

Este resultado indica que a exigência da inclusão de mais de uma composição genética nos grupos de contemporâneos, não foi suficiente para evitar confundimentos entre GC e os efeitos genéticos. Especialmente estes efeitos podem estar confundidos com os dois tipos de efeitos maternos, uma vez que embora houvesse consistência de modo a evitar que os grupos de contemporâneos fossem compostos por animais de uma só composição genética, o mesmo não foi feito quanto à composição genética da mãe.

Tabela 3. Média, coeficiente de determinação (R^2) e de variação (CV) e, desvios padrão (DP) para a característica de ganho-médio-diário simulado na pré-desmama (GMD) em função das três Simulações e os Modelos 1, 2 e 3 da 1ª. Etapa.

Table 3. Average, determination (R^2) and of variation coefficient (CV) and, deviations pattern (DP) for the characteristic of simulated preweaning-daily-gain (GMD) in function of the three Simulations and the Models 1, 2 and 3 of the 1st. Stage.

Parâmetros Parameters	Arquivo de dados Simulados Simulated Archive	Análise Analyse								
		A11	A21	A31	A12	A22	A32	A13	A23	A33
R^2 (%) R^2 (%)	S1	39,2	32,8	36,7	39,2	32,9	38,1	39,2	32,9	38,3
	S2	32,5	32,0	35,7	32,6	32,2	35,8	32,6	32,2	35,9
	S3	31,9	29,0	32,6	31,9	29,1	32,6	32,0	29,1	32,8
	S4	31,7	28,4	32,4	31,7	28,5	32,5	31,7	28,5	32,6
CV (%) CV (%)	S1	25,7	27,3	27,7	25,7	27,3	27,6	25,7	27,3	27,6
	S2	23,6	24,5	24,7	23,6	24,4	24,6	23,6	24,4	24,6
	S3	23,8	25,1	25,3	23,8	25,1	25,3	23,8	25,1	25,3
	S4	23,6	24,8	25,3	23,6	24,8	25,0	23,6	24,8	25,0
DP (g) DP (g)	S1	92,0	95,3	95,9	92,0	95,3	95,4	92,0	95,3	95,3
	S2	92,0	95,3	95,4	92,0	95,2	95,3	92,0	95,1	95,2
	S3	92,0	95,3	95,4	92,0	95,3	95,4	92,0	95,3	95,3
	S4	91,9	95,3	95,4	91,9	95,3	95,3	91,9	95,3	95,3
Média (g) Average (g)	S1	357,3	348,4	345,2	357,3	348,4	345,2	357,3	348,4	345,2
	S2	389,9	389,4	386,6	389,9	389,4	386,6	389,9	389,4	386,6
	S3	386,0	379,5	376,6	386,0	379,4	376,6	386,0	379,4	376,6
	S4	388,5	383,3	380,5	388,5	383,3	380,5	388,4	383,3	380,5

Efeitos Aditivos Raciais dos Tipos Biológicos

As estimativas para os efeitos raciais dos TBs são apresentadas na Figura 1, 2, 3 e 4 para os dados simulados de GMD, e expressos como desvios do TBN, para os grupos de simulação S1, S2, S3 e S4.

Nas figuras também são apresentados os desvios padrão para cada estimativa calculada a partir das cinco repetições realizadas. Os desvios foram altos e algumas vezes maiores que as estimativas, como também pode ser observado nas Figuras 1 a 4. O fato dos desvios serem grandes evidencia que boa parte da variação observada nas estimativas pode ser atribuída ao processo de aleatorização dos valores genéticos aos animais fundadores, uma vez que o número de touros das raças não zebuínas não era muito grande. Entretanto as estimativas seguiram comportamento semelhante. Apesar dos parâmetros utilizados nos quatro grupos de dados simulados (S1, S2, S3 e S4) para PN, PA, PB e PC terem sido iguais, as estimativas dos efeitos aditivos raciais foram diferentes na amplitude e na classificação. Entre os grupos de dados simulados, como a mudança de parâmetros se deu basicamente para os efeitos raciais maternos, a variação entre as estimativas de PN, PA, PB e PC podem estar sendo influenciadas por estes efeitos.

As estimativas de PB e PC foram mais próximas aos parâmetros utilizados na simulação em S4, entretanto os valores de PA foram mais semelhante ao utilizado na simulação em S1.

Em todos os grupos de dados simulados (S1 a S4), o comportamento das estimativas é semelhante para as análises em geral. São exceção as análises que o efeito materno é incorporado na simulação e não no modelo (A21 e A31). Neste caso o ocorrido pode ser devido à estimativa gerada por este modelo estar contaminada pelo efeito materno. Para todos os outros casos os resultados foram semelhantes, independente do modelo incluir ou não o efeito simulado.

Em S1, em todos os grupos de análises, os valores de PA foram menores de PN, com maior evidência em A31, indicando a influência dos efeitos maternos sobre esta estimativa, quando não considerados no modelo de análise. Os desvios padrão foram

bem altos para PA e PB em relação à PC. Nesta simulação foram utilizados valores de 10g para MA, 50g para MB e 30g para MC em relação à MN como parâmetros. Talvez os menores valores para MA tenham influenciado as baixas estimativas para PA.

Já para o grupo S2 os valores de PA foram todos superiores aos de PN e em geral abaixo de PB, com exceção de A21 e A31, em que foram próximos. No caso das simulações que incluíram também o efeito materno, é possível, em função de não haver animais puros com registro de produção simulado, que os valores estimados para os efeitos de TBs possam incluir um nível basal de heterozigose materna, ou mesmo de efeito materno.

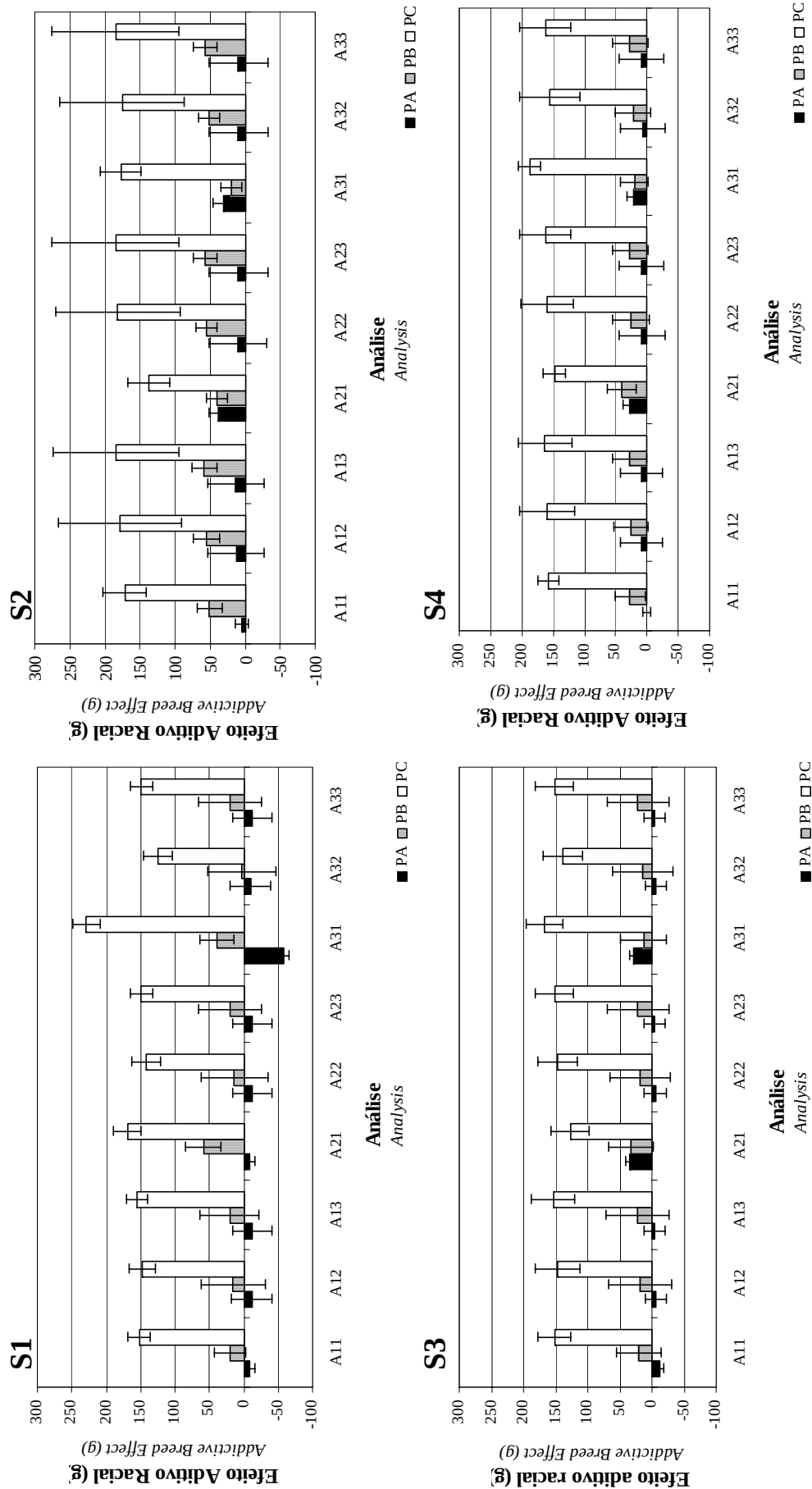


Figura 1. Estimativas dos efeitos aditivos raciais estimados de acordo com a proporção racial relativa aos tipos biológicos Zebu (PN), Adaptado (PA), Britânico (PB) e Continental (PC) e calculados em relação à PN, pelos modelos 1, 2 e 3 da 1ª. Etapa, para o ganho médio diário pré-desmame simulado de bovinos compostos para os grupos de simulação 1, 2, 3 e 4 (S1, S2, S3 e S4).

Figure 1. Estimates of the breed additive effects by the relative racial proportion to the biological types Zebu (PN), Adapted (PA), British (PB) and Continental (PC) and made calculations in relation to PN, for the models 1, 2 and 3 of the 1st. Stage, for simulated preweaning-daily-gain of composed bovine for simulation group 1, 2, 3 e 4 (S1, S2, S3 e S4).

Nesta simulação foram utilizados, para efeitos raciais maternos, os parâmetros de 30g para MA, -15g para MB e -35g para MC em relação à MN, com inversão na classificação comparado à S1. Parece que os efeitos maternos influenciam PA diversamente de PB e PC, enquanto maiores valores de efeitos maternos usados na simulação influenciam positivamente PA, menores valores de efeitos maternos também influenciam de forma positiva PB e PC. Os desvios encontrados para PC foram bem elevados, principalmente comparados à S1.

Em S3 as estimativas de PA novamente são menores que PN com excessão aos modelos que não incluem o efeito materno quando é incluída na simulação (A21 e A31). Inclusive nestes dois casos PA é positivo em relação a PN. Os parâmetros utilizados na simulação para o efeito aditivo materno foram de 45g para MA, 15g para MB e -20g para MC em relação à MN. Os maiores valores de MB e MC em relação à S2, parecem ter influenciado as estimativas de PB e PC que foram mais próximas das encontradas em S1, entretanto, desta vez, os desvios padrão foram bem superiores para as estimativas de PB. Parece haver uma interação entre os efeitos aditivos direto e maternos, no qual a mudança em um deles ou mais influência de forma variada os demais.

Em S4 as estimativas de PA voltam a ser maiores que PN e, da mesma forma que S2 e S3, com valores próximos de PB em A21 e A31. Neste caso, foram utilizados os parâmetros de simulação 30g para MA, 15g para MB e -5g para MC. Apesar do valor de MA ser igual ao utilizado em S2, os valores para MB e MC foram bem superiores, provavelmente influenciando estimativas de PA mais semelhantes à S2 e valores de PB e PC um pouco superiores à S1, entretanto os valores de desvios para PC foram superiores.

É interessante notar entretanto, que as semelhanças entre as estimativas para cada grupo de simulação, independe do fato do modelo incluir ou não o efeito materno simulado.

Os valores dos efeitos maternos também parecem influenciar bastante a variação entre as estimativas de um mesma simulação como pode ser notado pelos desvios padrão das estimativas entre os diferentes grupos de simulação.

Efeitos Raciais Maternos dos Tipos Biológicos

As estimativas para os efeitos raciais maternos dos tipos biológicos são apresentadas nas Figuras 5 à 8 para os dados simulados de GMD, e expressos como desvios do MN.

As estimativas encontradas para os efeitos raciais maternos foram próximas dos parâmetros utilizados nas simulações, nos modelos que incluíram os efeitos maternos correspondentes aos simulados (A22, A23 e A33). Na situação A32, em que o efeito de heterose materna não foi simulado, mas foi incluído no modelo, as estimativas foram muito distantes. Nas situações em que os efeitos maternos não foram simulados (A12 e A13), as estimativas foram bem mais próximas de zero. As estimativas de efeito racial materno variaram mais dentro de uma mesma simulação, que as de efeito aditivo raciais como mostram os altos valores de desvios padrão.

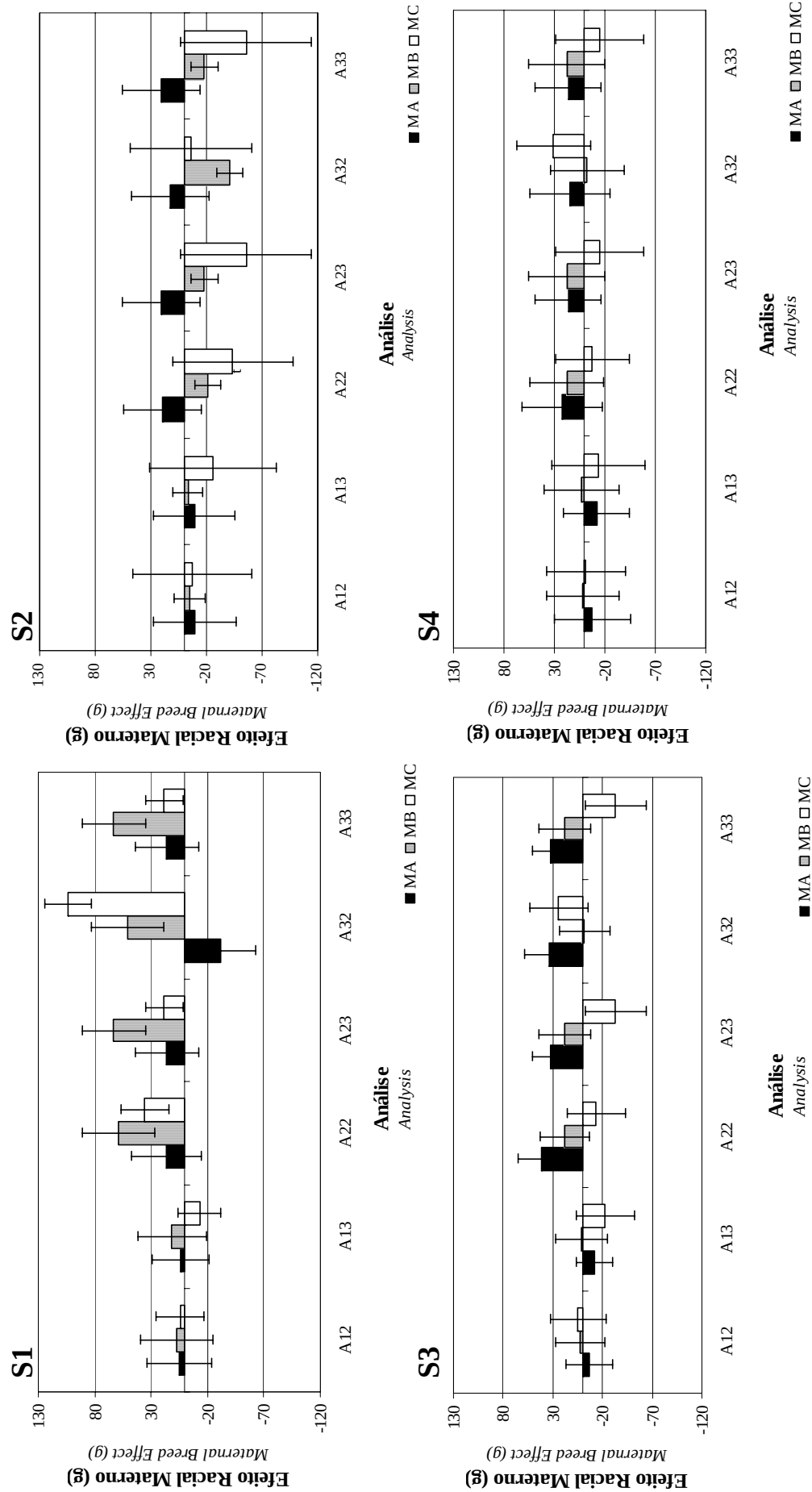


Figura 5. Estimativas dos efeitos raciais maternos estimados de acordo com a proporção racial relativa aos tipos biológicos Zebu (MN), Adaptado (MA), Britânico (MB) e Continental (MC) e calculados em relação à MN, pelos modelos 2 e 3 da 1ª. Etapa, para o ganho médio diário pré-desmame simulado de bovinos compostos para o grupo de simulação 1, 2, 3 e 4 (S1, S2, S3 e S4).

Figure 5. Estimates of the maternal breed effects by the relative racial proportion to the biological types Zebu(MN), Adapted (MA), British (MB) and Continental (MC) and made calculations in relation to MN, for the models 2 and 3 of the 1st. Stage, for simulated preweaning-daily-gain of composed bovine for simulation group 1, 2, 3 e 4 (S1, S2, S3 e S4).

Como pode ser observado nas Figuras 5, 6, 7 e 8 em todos os grupos de simulação (S1 à S4) as estimativas para MA, MB e MC em relação à MN foram semelhantes para A22, A23 e A33, com valores correspondentes aos simulados. Isto indica que o modelo pode estar adequado à estrutura de dados analisada, enquanto que para os demais modelos, as estimativas foram bem diversas entre eles e também dos valores esperados. As estimativas de MA para A12 e A13 foram bem baixas em S1 e nos demais grupos foram menores que MN. Nas mesmas análises as estimativas de MB praticamente se igualaram aos de MN. Entretanto MC, com exceção de S1, seguiu o mesmo comportamento das estimativas das demais análises. Na análise A32 (simulação dos efeitos raciais e de heterose maternos e inclusão no modelo somente do racial materno) o comportamento das estimativas obtidas para as três composições raciais foram muito diversificadas entre os grupos de simulação, não seguindo um padrão definido.

Efeitos das Heteroses Individuais

As estimativas para os efeitos de heterose obtidas pelas análises de variância dos modelos são apresentadas nas Figuras 9 à 12 para os dados simulados de GMD.

Comparando-se os GMD estabelecidos para os efeitos de heterose individual utilizados para simular estes efeitos, observa-se que as estimativas foram condizentes com os valores estipulados e não variaram muito entre as análises realizadas. Somente as estimativas para HBC diferenciaram bem entre os grupos de simulação, entretanto esta fonte de variação pode ser devida aos valores de HBC utilizados na simulação serem muito baixos. Observando as Figuras 9, 10, 11 e 12 o comportamento das estimativas pode ser melhor visualizado de acordo com o grupo de simulação (S1 à S4).

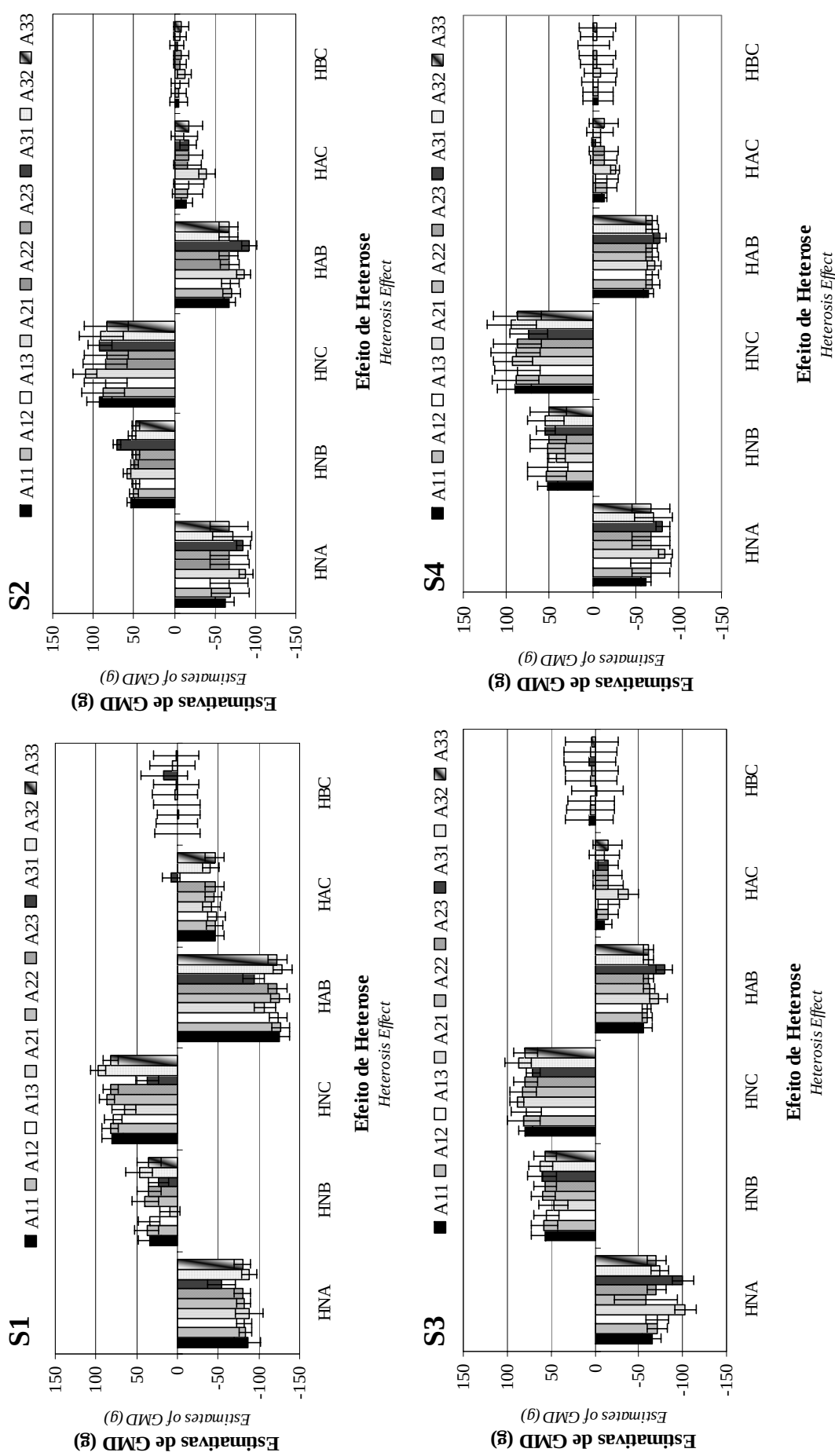


Figura 9. Estimativas dos efeitos das heteroses, estimadas pelos modelos de análise para ganho-médio-diário do nascimento ao desmame simulado de bovinos compostos nos grupos de Simulação 1, 2, 3 e 4 (S1, S2, S3 e S4).

Figure 9. Estimates of heterosis effects, estimated for the analysis models for preweaning-daily-gain simulated of composed bovine for Simulation group 1, 2, 3 e 4 (S1, S2, S3 e S4).

Analisando as Figuras acima observa-se que as estimativas foram bem semelhantes entre as análises. No caso de A21 e A31 e algumas vezes em A32, as estimativas desviaram um pouco em relação as demais, do mesmo modo que ocorreu com as estimativas para os efeitos aditivos, entretanto com bem menos variação entre elas. As estimativas HNA apresentaram altos desvios padrão em S2 e S4, HNB somente em S4, HNC em S2 e S4 e HBC em S1, S3 e S4. As estimativas de efeito de heterose parecem não ter sido muito influenciadas pelas mudanças nos parâmetros de efeito aditivo materno utilizados na simulação.

Efeitos das Heteroses Maternas

As estimativas para os efeitos de heterose materna obtidas pelas análises de variância dos modelos são apresentadas nas Figuras 13 à 16 para os dados simulados de GMD.

Nas estimativas de heterose materna ficou bem evidente a diferença entre os modelos de análise utilizados. Em A33 as estimativas se assemelham muito aos parâmetros utilizados na simulação, com excessão aos valores de HMAc que foram de três à quatro vezes maiores que os parâmetros.

Analisando as Figuras 13, 14, 15 e 16 observa-se que as estimativas mudaram muito entre as análises, mostrando a importância do efeito não-aditivo materno. Nas análises A13 e A23, os efeitos de heterose materna não foram considerados na simulação e consequentemente os valores das estimativas foram mais próximos de zero. Com este efeito incluído na simulação, as estimativas foram mais pronunciadas e próximas dos parâmetros utilizados. As mudanças dos valores dos efeitos raciais maternos entre os grupos de simulação parece não ter influenciado estas estimativas.

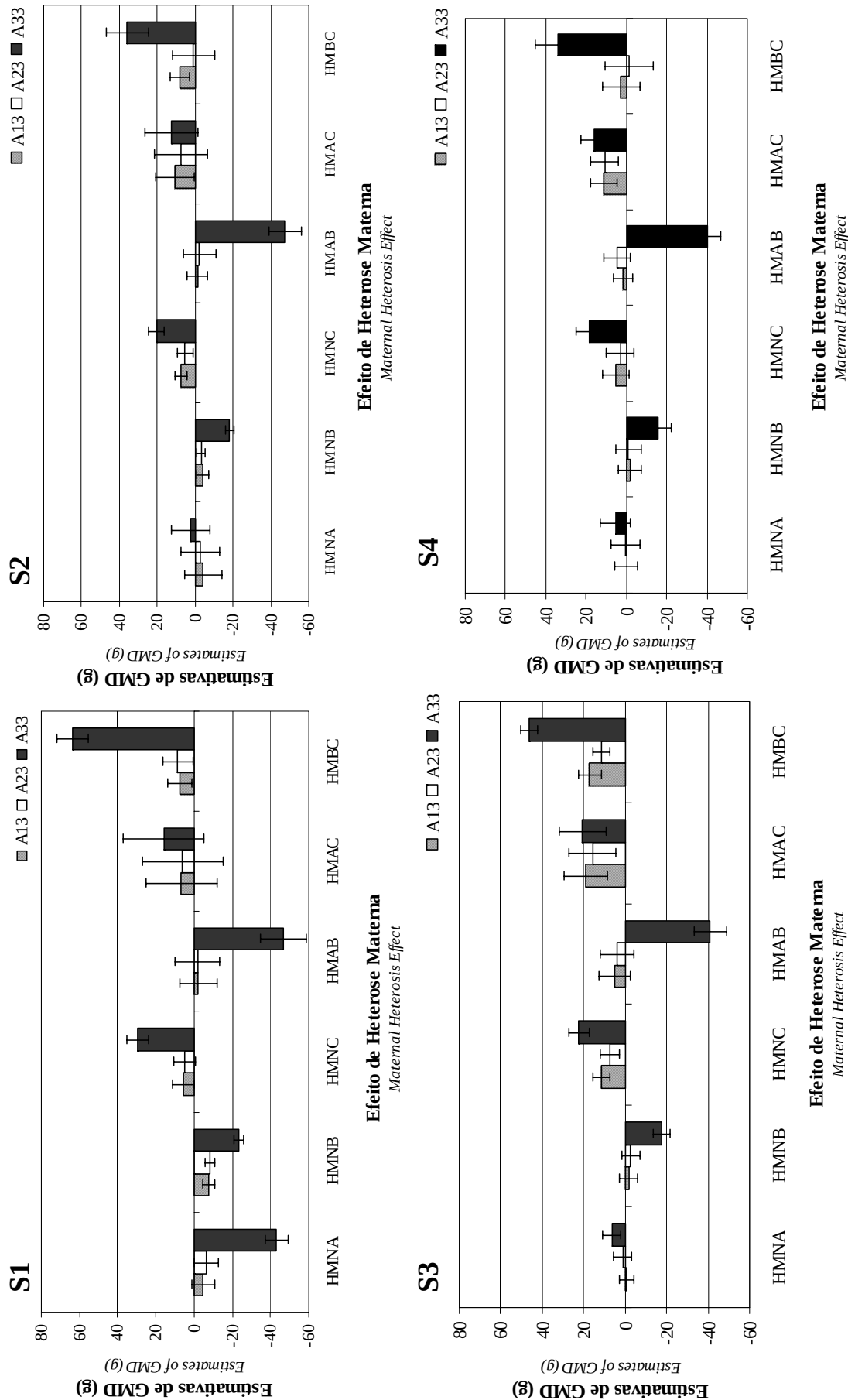


Figura 13. Estimativas dos efeitos das heteroses maternas, estimadas pelos modelos de análise para ganho-médio-diário do nascimento ao desmame simulado de bovinos compostos para os grupos de simulação 1 (S1, S2, S3 e S4).

Figure 13. Estimates of the maternal and maternal heterosis effects, estimated for the analysis models for preweaning-daily-gain simulated of composed bovine for simulation group 1, 2, 3 e 4 (S1, S2, S3 e S4).

Estimativas de Componentes de Variância e Parâmetros Genéticos

Apesar do conhecimento dos efeitos não-aditivos e sua importância nas populações multirraciais a sua determinação é muito complicada devido aos vários efeitos que se confundem. Um meio de se obter melhores resultados é a simulação dos dados, simulando-se os valores genéticos verdadeiros que foram simulados (VS) e comparando-os com os valores genéticos estimados (VE).

As variâncias e herdabilidades estimadas para os efeitos aditivos diretos e maternos são apresentadas nas Tabelas 9 e 10, conforme o conjunto de análise e o grupo de simulação.

Tabela 9. Componentes de variância obtidos para comparação dos modelos lineares mistos na característica de ganho-médio-diário pré-desmame nos 18 conjuntos de análises realizadas e nos quatro arquivos simulados.

Table 9. Component of variance obtained for comparison of the mixed lineal models in the preweaning-daily-gain characteristic in the 18 groups of accomplished analyses and in the four simulated archives.

Análise <i>Analysis</i>	Arquivos Simulados <i>Simulated Archives</i>											
	S1			S2			S3			S4		
	Estimativas* <i>Estimates*</i>											
	σ_a^2	σ_e^2	σ_m^2	σ_a^2	σ_e^2	σ_m^2	σ_a^2	σ_e^2	σ_m^2	σ_a^2	σ_e^2	σ_m^2
A111	3469	5353	-	3515	5359	-	3655	5257	-	3485	5382	-
A211	4989	4848	-	4676	5050	-	4835	4939	-	4817	4975	-
A311	5759	4473	-	4983	4898	-	5131	4791	-	5132	4818	-
A121	3474	5351	-	3542	5344	-	3635	5272	-	3478	5386	-
A221	4914	4901	-	4794	4984	-	4936	4896	-	4840	4961	-
A321	5580	4642	-	5150	4827	-	5197	4772	-	5187	4808	-
A131	3400	5384	-	3468	5376	-	3532	5315	-	3431	5405	-
A231	4866	4926	-	4757	4942	-	4852	4928	-	4820	4968	-
A331	4866	4926	-	4757	5003	-	4852	4928	-	4820	4968	-
A112	3438	5364	14	3478	5371	16	3599	5276	24	3430	5401	23
A212	3743	5300	504	3393	5515	520	3488	5420	549	3368	5506	576
A312	4451	4934	544	3728	5349	512	3826	5253	537	3714	5335	568
A122	3399	5376	32	3437	5382	43	3560	5298	32	3423	5406	22
A222	3532	5400	559	3524	5413	543	3534	5363	601	3435	5466	568
A322	3180	5501	970	3611	5371	628	3628	5330	637	3469	5442	676
A132	3296	5417	47	3388	5402	36	3461	5338	32	3398	5416	14
A232	3490	5416	561	3501	5422	543	3520	4439	569	3470	5454	546
A332	3490	5415	561	3501	5422	543	3520	5377	569	3470	5454	546

* - σ_a^2 = Variância genética aditiva; σ_m^2 = Variância genética materna; σ_e^2 = Variância residual;

* - σ_a^2 = additive genetic variance; σ_m^2 = maternal genetic variance; σ_e^2 = residual variance;

Tabela 10. Herdabilidades obtidas para comparação dos modelos lineares mistos na característica de ganho-médio-diário pré-desmame nos 18 conjuntos de análises realizadas e nos quatro arquivos simulados.

Table 10. Heritability obtained for comparison of the mixed linear models in the preweaning-daily-gain characteristic in the 18 groups of accomplished analyses and in the four simulated archives.

Análise <i>Analysis</i>	Arquivos Simulados <i>Simulated Archives</i>							
	S1		S2		S3		S4	
	Estimativas* <i>Estimates*</i>							
	h ²	h ² _m	h ²	h ² _m	h ²	h ² _m	h ²	h ² _m
A111	0.39	-	0.40	-	0.41	-	0.39	-
A211	0.51	-	0.48	-	0.49	-	0.49	-
A311	0.56	-	0.50	-	0.52	-	0.51	-
A121	0.39	-	0.40	-	0.41	-	0.39	-
A221	0.50	-	0.49	-	0.50	-	0.49	-
A321	0.55	-	0.52	-	0.52	-	0.52	-
A131	0.39	-	0.39	-	0.40	-	0.39	-
A231	0.50	-	0.48	-	0.50	-	0.49	-
A331	0.50	-	0.48	-	0.50	-	0.49	-
A112	0.39	0.000	0.39	0.002	0.40	0.002	0.39	0.002
A212	0.39	0.052	0.36	0.056	0.37	0.058	0.36	0.062
A312	0.45	0.054	0.39	0.054	0.40	0.056	0.39	0.062
A122	0.39	0.002	0.39	0.006	0.40	0.004	0.39	0.002
A222	0.37	0.058	0.37	0.058	0.37	0.062	0.36	0.058
A322	0.33	0.100	0.37	0.066	0.38	0.066	0.36	0.072
A132	0.38	0.006	0.38	0.000	0.39	0.002	0.38	0.002
A232	0.37	0.060	0.37	0.056	0.37	0.060	0.37	0.058
A332	0.37	0.060	0.37	0.056	0.37	0.060	0.37	0.058

* h^2 = herdabilidade; h^2_m = herdabilidade materna.

* h^2 = heritability; h^2_m = maternal heritability.

Os componentes de variância e herdabilidades obtidas de acordo com cada análise entre os grupos de simulação (S1 à S4) não apresentaram muita variação. Entretanto, analisando estes parâmetros com relação à inclusão dos efeitos na simulação e os modelos estudados observam-se diferenças de quando o efeito materno é incorporado ou não (análises A111 a A332). Quando o modelo de análise da 1ª e 2ª etapas não inclui os efeitos maternos (Ax11) a herdabilidade aumenta em função da inclusão dos efeitos na simulação, até atingir o valor de 0,56. Este resultado indica contaminação dos valores genéticos com os efeitos maternos quando este existe e não está presente no modelo de análise da 1ª e 2ª etapas. As estimativas de herdabilidade direta para o conjunto de dados simulados sem os efeitos maternos (análises A1xx) variou muito pouco em

função da inclusão ou não dos efeitos maternos na 1ª ou 2ª etapas, sendo um pouco menores nos casos em que a primeira etapa incluiu os efeitos maternos aditivos e foram analisados na 2ª etapa com modelo que incluiu os efeitos maternos aditivos (análises A122 e A132). Também se observa que, conforme esperado, as estimativas das herdabilidade dos efeitos maternos foi nula para o conjunto simulado sem eles (análises A1x2). Cément et al. (2001) verificaram a mesma situação, em que os dados simulados somente com efeitos diretos, quando analisados por um modelo mais complexo, a herdabilidade direta foi não-viesada e os efeitos maternos foram estimados como iguais a zero.

Quando o efeito materno é incorporado ao modelo da segunda etapa, o comportamento muda um pouco. Nas situações A112, A212, A312, o efeito materno está incorporado na 2ª. Etapa, mas não foi considerado na estimação dos efeitos não aditivos diretos na 1ª Etapa talvez por isso a herdabilidade direta aumente em A312, mesmo que a herdabilidade materna tenha aumentado também um pouco. Já para o restante das análises, observa-se que tanto para o valor das variâncias como herdabilidade direta há uma diminuição para o efeito direto, enquanto para o efeito materno há um aumento.

De acordo com Clément et al. (2001), quando o efeito materno é negligenciado na análise de dados simulados com o efeito materno, a herdabilidade direta é superestimada, podendo chegar ao dobro do valor de quando são considerados os efeitos aditivos direto e maternos no modelo. No presente trabalho esta situação também foi observada, como descrita acima, mas não chegando a ser o dobro. Estes resultados foram concordantes com Waldron et al. (1993) e Nasholm & Danell (1996) com dados reais e por Southwood et al. (1972) e Robinson (1996) em dados simulados.

Quando o efeito materno é parcialmente negligenciado, é difícil, com um modelo animal, distinguir entre os efeitos maternos e a contribuição da mãe ao genótipo de sua progênie, a variância genética direta sendo influenciada por parte da variância genética materna (Clément et al., 2001).

Comparação de Modelos

Os coeficientes de determinação (R^2) das regressões são apresentados nas Tabelas 11 e 12 (todos os animais), Tabelas 13 e 14 (animais com dados) e Tabelas 15 e 16 (touro). Em todas as situações os valores de R^2 foram semelhantes em S1, S2, S3 e S4, principalmente entre VEd x VSd. Nas regressões entre os valores genéticos maternos, preditos e simulados, houve maior variação, entre os grupos de simulação (S1 à S4) e principalmente entre as análises realizadas.

Tabela 11. Coeficiente de determinação da regressão entre os valores genéticos direto predito e simulado (VEd x VSd) para cada análise e arquivo de simulação (S1 à S4), para todos os animais.
Table 11. Determination coefficient of the regression among the simulated and predicted genetic values (VEd x VSd) for each analysis and simulated archive (S1 à S4), for all the animals.

Análise Combinada <i>Combined Analysis</i>	Arquivos de Simulação <i>Simulated archives</i>			
	S1	S2	S3	S4
VEd x VSd				
A111	35,43	34,96	34,15	33,93
A211	31,59	30,09	29,08	30,02
A311	30,62	30,94	29,87	30,91
A121	35,33	34,66	34,13	34,02
A221	31,38	30,85	29,46	30,48
A321	31,21	31,22	30,38	31,01
A131	34,95	34,18	33,46	33,64
A231	30,80	30,41	29,22	30,20
A331	30,80	30,41	29,22	30,20
A112	35,48	34,99	34,20	33,98
A212	34,26	31,72	30,69	31,69
A312	31,76	32,32	31,16	32,36
A122	35,39	34,71	34,15	34,09
A222	33,06	32,14	30,71	32,05
A322	33,20	32,96	32,23	32,87
A132	34,98	37,26	33,41	33,65
A232	32,81	31,74	30,86	31,77
A332	32,81	31,74	30,86	31,77

Considerando todos os animais presentes no arquivo (154417) e analisando a Tabela 11, para os dados simulados sem os efeitos maternos (A1xx), a inclusão ou não destes efeitos na 1ª ou 2ª Etapa de análises fez pouca diferença. Mesmo nas situações em que a herdabilidade era mais baixa, (A122 e A132) os coeficientes de determinação foram semelhantes.

Nas análises que não incluem o efeito aditivo materno na 2ª etapa (Axx1), a incorporação do efeito materno na simulação dos dados parece ser a causa na diminuição do coeficiente de determinação (R^2) entre VEd e VSd. Quando o efeito aditivo materno é incluído na 2ª etapa ocorre uma suavização desta perda, mas a inclusão do mesmo efeito na 1ª Etapa praticamente não altera os resultados. Desta forma, parece que o controle dos efeitos aditivos maternos e a correção para os efeitos maternos não aditivos, não tem muito efeito sobre a predição dos valores genéticos dos animais.

Tabela 12. Coeficiente de determinação da regressão entre os valores genéticos maternos preditos e simulados (VEm x VSm) para cada análise e arquivo de simulação (S1 à S4), para todos os animais.

Table 12. Determination coefficient of the regression among predicted and simulated maternal genetic values (VEm x VSm) for each analysis and simulated archive (S1 à S4), for all the animals.

Análise Combinada <i>Combined Analysis</i>	Arquivos de Simulação <i>Simulated archives</i>			
	S1	S2	S3	S4
VEm x VSm				
A112	0,94	0,24	0,78	0,22
A212	7,55	12,27	12,49	11,03
A312	5,44	8,43	8,06	9,51
A122	1,64	1,33	0,10	0,36
A222	11,31	15,47	19,25	15,18
A322	3,81	9,72	10,82	8,15
A132	1,68	2,07	0,25	0,42
A232	12,13	16,21	18,96	15,32
A332	12,13	16,21	18,96	15,32

Com relação aos efeitos maternos os coeficientes de determinação foram muito baixos, como já poderia ser esperado em função da baixa herdabilidade estimada. O valor de R^2 é maior quando o efeito aditivo materno é incluído no modelo da 1ª Etapa, entretanto quando o efeito da heterose materna é utilizado na simulação, o valor de R^2 diminui quando o mesmo não é considerado no modelo de análise e permanece constante quando passa a ser considerado (A332).

As Tabelas 13 e 14 apresentam os coeficientes de determinação entre VEd x VSd e VEm x VSm, respectivamente, apenas para o conjunto de animais que apresentavam dados observados de pesagem, em um total de 84.621 animais.

Tabela 13. Coeficiente de determinação da regressão entre os valores genéticos direto predito e simulado (VEd x VSd) para cada análise e arquivo de simulação (S1 à S4), somente para os animais com dados de pesagem.

Table 13. Determination coefficient of the regression among the simulated and predicted direct genetic value (VEd x VSd) for each analysis and simulated archive (S1 à S4), only for animal with data.

Análise Combinada <i>Combined Analysis</i>	Arquivos de Simulação <i>Simulated archives</i>			
	S1	S2	S3	S4
VEd x VSd				
A111	52,60	52,01	50,84	51,02
A211	46,91	44,84	45,06	45,05
A311	46,12	46,25	44,52	46,35
A121	52,36	51,44	50,66	51,16
A221	46,41	46,24	44,00	45,94
A321	46,01	46,93	45,29	46,53
A131	51,87	50,83	49,89	50,73
A231	45,90	45,70	43,97	45,68
A331	45,90	45,70	43,97	45,68
A112	52,55	52,02	50,85	51,01
A212	49,10	47,26	45,78	47,60
A312	47,80	47,99	46,52	48,56
A122	52,35	51,42	50,66	51,15
A222	49,20	48,02	46,01	48,32
A322	49,21	48,84	47,95	49,11
A132	51,94	50,86	49,92	50,73
A232	49,07	47,59	46,56	48,04
A332	49,07	47,59	46,56	48,04

Tabela 14. Coeficiente de determinação da regressão entre os valores genéticos materno predito e simulado (VEm x VSm) para cada análise e arquivo de simulação (S1 à S4), somente para os animais com dados de pesagem.

Table 14. Determination coefficient of the regression among the simulated and predicted maternal genetic value (VEm x VSm) for each analysis and simulated archive (S1 à S4), only for animal with data.

Análise Combinada <i>Combined Analysis</i>	Arquivos de Simulação <i>Simulated archives</i>			
	S1	S2	S3	S4
VEm x VSm				
A112	0,98	0,47	2,06	0,92
A212	12,76	16,26	17,32	18,66
A312	11,78	8,68	12,24	15,19
A122	1,05	1,89	0,90	0,56
A222	16,04	19,84	22,74	20,67
A322	8,70	13,61	16,22	14,56
A132	1,04	2,55	0,61	0,73
A232	16,10	20,42	22,32	20,77
A332	16,10	20,42	22,32	20,77

Para o arquivo formado somente com animais com dados de produção observados, os valores de R^2 foram maiores em média 48% para os efeitos diretos, do que quando se considerou todos os animais presentes na matriz de parentesco. Os valores para a regressão entre os valores maternos foram um pouco superiores. Entretanto, o comportamento da regressão entre os valores genéticos estimados e simulados (direto e materno) foram idênticos aos obtidos quando todos os animais foram considerados.

Tabela 15. Coeficiente de determinação da regressão entre os valores genéticos direto estimados e simulados (VEd x VSd) dos touros, para cada análise e arquivo de simulação (S1 à S4).

Table 15. Determination coefficient of the regression among the simulated and predicted direct genetic values (VEd x VSd) for bulls, for each analysis and simulated archive (S1 à S4).

Análise Combinada <i>Combined Analysis</i>	Arquivos de Simulação <i>Simulated archives</i>			
	S1	S2	S3	S4
VEd x VSd				
A111	65,17	66,42	66,57	63,71
A211	65,26	54,59	53,29	56,29
A311	65,62	57,03	55,48	60,08
A121	64,44	65,20	65,27	63,34
A221	61,37	61,64	58,20	59,26
A321	58,99	60,11	57,31	57,77
A131	65,53	65,76	66,37	63,98
A231	62,24	61,83	59,96	59,98
A331	62,24	61,83	59,96	59,98
A112	65,22	66,46	66,63	63,33
A212	65,25	56,03	54,85	57,15
A312	66,11	58,07	56,59	59,61
A122	64,47	65,19	65,23	63,01
A222	60,05	63,71	60,41	60,51
A322	55,61	62,82	60,08	59,24
A132	65,43	65,73	66,26	63,38
A232	61,26	63,95	62,09	60,81
A332	61,26	63,95	62,09	60,81

Tabela 16. Coeficiente de determinação da regressão entre os valores genéticos materno estimados e simulados (VEm x VSm) dos touros, para cada análise e arquivo de simulação (S1 à S4).

Table 16. Determination coefficient of the regression among the simulated and predicted maternal genetic values (VEm x VSm) for bulls, for each analysis and simulated archive (S1 à S4).

Análise Combinada <i>Combined Analysis</i>	Arquivos de Simulação <i>Simulated archives</i>			
	S1	S2	S3	S4
VEm x VSm				
A112	1,27	0,03	0,15	0,14
A212	4,93	6,97	8,83	9,35
A312	3,25	5,21	6,24	7,23
A122	1,17	0,55	0,22	0,21
A222	8,00	9,20	13,50	10,78
A322	3,27	5,91	7,48	6,03
A132	1,11	0,59	0,33	0,20
A232	8,60	9,69	13,39	10,93
A332	8,60	9,69	13,39	10,93

Da mesma forma que para os dois arquivos anteriores os R^2 para os touros seguiram o mesmo comportamento. Os valores dos coeficientes foram mais elevados para a regressão entre os valores genéticos diretos, porém para as regressões entre os valores genéticos maternos ocorreu o inverso, apresentando os menores valores em relação aos outros dois arquivos.

Conclusão

Embora as estimativas dos efeitos aditivos dos tipos biológicos sejam influenciadas pelos efeitos maternos presentes na população, as estimativas dos efeitos não aditivos sofrem pouca influencia dos mesmos, sendo bem estimados em qualquer situação, da mesma forma que os efeitos não-aditivos maternos.

A estimativa da herdabilidade é superestimada quando os efeitos maternos presentes na característica analisada são ignorados e devem ser considerados nas análises, quando se supõe sua presença nas características analisadas neste tipo de população.

Os modelos estudados estimam bem os valores genéticos diretos, apresentando altos coeficientes de determinação entre os valores reais e os estimados, entretanto, a predição dos valores genéticos maternos parece ser mais difícil.

Referências Bibliográficas

- ARNOLD, J.W.; BERTRAND, J.K.; BENYSHEK, L.L. Animal Model for Genetic Evaluation of Multibreed Data. **J. Anim. Sci.**, v. 70, p.3322-3332, 1992.
- BOCCHI, A. L. **Efeito da idade da vaca e da data juliana de nascimento sobre o ganho médio diário de bezerros de corte no período pré-desmame**. Jaboticabal, 1999. 119p. Trabalho de Graduação. Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. et al. **A manual for use of MTDFREML- a set of programs to obtain estimates of variances and covariances (DRAFT)**. Lincoln, USDA-ARS, 1995.

- CLEMENT, V.; BIBÉ, B.; VERRIER, É. Et al. Simulation analysis to test the influence of model adequacy and data structure on the estimation of genetic parameters for traits with direct and maternal effects. **Genet. Sel. Evol.** v.33, p.369-395, 2001.
- ELZO, M.A., FAMULA, T.R. Multibreed Sire Evaluation Procedures within a Country. **J. Anim. Sci.** v. 60, n.4, p. 942-952. 1985.
- FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; GOLDEN, B.L. A formação do Composto Montana Tropical. **Rev. Bras. Reprod. Anim.**, v.23, n.2, 1999.
- FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P. Desenvolvimento de bovinos de corte compostos no Brasil: o desafio do projeto Montana Tropical. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., Belo Horizonte, 2000. **Anais...**Belo Horizonte: SBMA, 2000.p.100.
- GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V. Crossbreeding to use heterosis and breed complementarity. **Rev. Bras. Reprod. Ani.**, v.23, n.2, p.65-70, 1999.
- NASHOLM A., DANELL O. Genetic relationships of lamb weight, maternal ability, and mature ewe weight in Swedish Finewool Sheep, **J. Anim. Sci.**, v.74, p.329-339. 1996.
- PAZ, C.C.P.; ALBUQUERQUE, L.G.; FRIES, L.A. Efeitos ambientais sobre ganho de peso no período do nascimento ao desmame em bovinos da raça Nelore. **Rev. Bras. Zootec.**, v.28, n.1, p.55-64, 1999.
- PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento Genético Aplicado à produção Animal**. 3. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2001. 555p.
- QUAAS, R.L.; POLLAK, E.J. Modified equations for sire models with groups. **J. Dairy Sci.**, v.64, p.1868-1872. 1981.
- ROBINSON D.L., Models which might explain negative correlations between direct and maternal genetic effects. **Livest. Prod. Sci.**, v.45, p.111-122, 1996.
- RODRIGUEZ-ALMEIDA, F.A.; VAN VLECK, L.D.; GREGORY, K.E. Estimation of direct and maternal breed effects for prediction of expected progeny differences for birth and weaning weights in three multibreed populations. **J. Anim Sci.**, v. 75, p.1203-1212, 1997
- SAS INSTITUTE. **SAS/STAT, user's guide, version 6.12**, 4th ed. Cary, 1998. 842p.
- SOUTHWOOD O.I.; KENNEDY B.W.; MEYER K., et al. Estimation of additive maternal and cytoplasmic genetic variances in animal models. **J. Dairy Sci.**, v.72, p.3006-3012, 1972.
- TEIXEIRA, R.; ALBUQUERQUE, L.G. Efeitos ambientais que afetam o ganho de peso pré-desmama em animais Angus, Hereford, Nelore e mestiços Angus-Nelore e Hereford-Nelore. **Rev.Bras. Zootec.**, Viçosa, MG, v. 32, n. 4, p.887-890, 2003.
- TEIXEIRA, R.A. **Efeitos genéticos aditivos e não aditivos que influenciam características reprodutivas e de crescimento em bovinos de corte**. 2004. 83p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2004.
- WALDRON D.F., MORRIS C.A., BAKER R.L., et al. Maternal effects for growth traits in beef cattle, **Livest. Prod. Sci.**, v.34, p.57-70, 1993.

CAPÍTULO 4

SIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE AS RAÇAS FORMADORAS DE UM COMPOSTO TROPICAL NO BRASIL

SIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE RAÇAS BOVINAS FORMADORAS DE UMA POPULAÇÃO COMPOSTA TROPICAL

Adriana Luize Bocchi¹, Ana Carolina Espasandin², Henrique Nunes de Oliveira³

Resumo - Para a caracterização da população composta foram utilizadas as características de ganho médio diário pré-desmame (GMDND), peso ao nascer (PN); heterozigose total, altura de garupa (AG), escore de pêlo, resistência à parasitas, umbigo e musculabilidade. Após a descrição, na tentativa de definir tipos biológicos de acordo com seus desempenhos em ambiente tropical, foram obtidas as estimativas de cada raça dos efeitos diretos e maternos, das características GMDND e PN, e dos efeitos diretos para AG e circunferência escrotal, utilizando o procedimento GLM do software SAS. O modelo de análise incluiu também os efeitos fixos de grupos contemporâneos e ordem de parto, e os efeitos não-aditivos de heterose. Foi realizada a análise de cluster e construído o dendrograma com base nas distâncias euclidianas das estimativas dos efeitos considerados. Foram determinados três clusters, sendo que o primeiro grupo foi formado apenas pela raça Sallers, o segundo em um pequeno grupo de duas raças (Nelore e Devon) e no grupo maior, que incluiu as demais raças, foram formados quatro subgrupos menores. Os animais que compõe a população composta estudada apresentam composições raciais bem diversificadas, sendo mais importante a retenção da heterose, padronização do desempenho e morfologia animal. Os valores raciais dos animais cruzados possibilitaram estimar as contribuições aditivas de cada uma das raças puras participantes.

Palavras-chave: clusters, cruzamento, distância genética, efeitos genéticos aditivos, gado de corte

² Aluna de Doutorado do curso de Zootecnia – FMVZ / Botucatu – dribocchi@hotmail.com

³ Professora do Departamento de Produção Animal e Pastagens – Faculdade de Agronomía Universidad de la República Oriental del Uruguay.

⁴ Professor Adjunto do Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal – FMVZ / Botucatu.

GENETIC SIMILARITY BETWEEN FOUNDATION BREEDS OF TROPICAL POPULATION COMPOSITE

Abstract - For composite population characterization, traits of preweaning daily gain (GMDND), birth weigh (PN), total heterozygosis, croup height (AG), hair score, parasite resistance, navel and muscularity were used. After the description, in the attempt of defining biological types, in agreement with their performance in tropical environment, the estimates of direct and maternal effects, for traits GMDND and PN, and direct effects for AG and circumference scrotal, using the procedure GLM of the SAS software were obtained. The analysis model also included the fixed effects of contemporary groups and birth order, and the non-addictive heterosis effects. The cluster analysis was accomplished and built the dendrograma with base in the Euclidean's distances of considered effects estimates. Three clusters were determined, the first group was formed only by Sallers breed, the second a small group of two breeds (NEL and DEV) and in the third and larger group, that included the others breeds, was formed four smaller subgroups. The animals from the studied composite population presented breed compositions very diversified, being more important the retention of the heterosis, standardization of the performance and animal morphology. The genetic values of the crossed animals made possible to esteem the addictive contributions of each pure breed participant.

Key-words: beef cattle, cluster, crossbreed, genetic distance, genetic additive effect

Introdução

Os compostos são formados pelo cruzamento de várias raças tendo como objetivo a manutenção de heterose elevada, obtenção de complementaridade e exploração das diferenças genéticas aditivas entre os diferentes recursos genéticos. De acordo com Gregory & Cundiff (1999), a heterose retida em gerações posteriores é igual, ou superior, à retenção de heterose esperada, garantindo em longo prazo, a manutenção da produtividade.

De acordo com Ferraz et al. (1999) em um projeto de formação de bovinos compostos, o conceito de raça perde sua importância. De acordo com os autores, o agrupamento das raças em tipos biológicos segundo suas semelhanças de origem, tipo, função, fisiologia e desempenho ponderal e reprodutivo, permite diminuir a complexidade dos modelos envolvidos, como também a inclusão de material genético de boa qualidade de diversas raças ao redor do mundo. As raças são agrupadas em quatro tipos biológicos N (Zebu), A (Adaptado), B (Britânico) e C (Continental), nomeado sistema NABC.

No entanto, Pereira (2001) também estabelece que ainda não existem suficientes estudos definitivos quanto à retenção de heterose nas raças compostas em áreas tropicais, nem quanto à existência e ou magnitude da possível interação entre heterose e ambiente sobre os desempenhos dos compostos submetidos aos diferentes sistemas de exploração. Além disso, ainda não foi implementada a avaliação genética acurada dos animais compostos, e existem insuficientes resultados de parâmetros genéticos e correlações entre características de importância econômica, que permitam melhoras nos resultados.

A dificuldade em fazer a avaliação de animais compostos está em seu próprio banco de dados, no qual estão presentes desempenhos de animais de várias composições

raciais. A avaliação genética estima a partir dos valores fenotípicos dos diferentes caracteres, os valores genéticos de cada animal, descontando os efeitos ambientais que afetam em cada sistema. Porém, em populações compostas, além dos efeitos ambientais devem ser considerados também os efeitos genéticos não-aditivos (heterose), para evitar superestimação das DEP's dos reprodutores.

Devido a dificuldade em estimar a heterose para as combinações entre todas as raças participantes na formação de um composto, métodos indiretos têm sido usados, contribuindo com as estimativas ainda não acuradas dos valores genéticos aditivos. Existem hoje novas propostas para derivar os valores de heterose, em função da distância genética observada entre as raças selecionadas por diversos propósitos no mundo (Roughsedge et al., 2001).

O objetivo deste trabalho foi o de caracterizar dos pontos de vista produtivo e visual as raças formadoras de uma população composta, assim como estimar os efeitos raciais de um conjunto de caracteres de 19 raças, utilizando informação de uma população multirracial, e agrupar as raças de acordo com suas similaridades.

Material e Métodos

Origem dos dados

Foram utilizados dados de desempenho de 198.422 animais de uma população composta. Os dados foram fornecidos em três arquivos: um arquivo de pedigree, outro com os dados de medidas e informações de manejo e o terceiro com as informações de composição racial. Para cada animal era informada a proporção de cada raça com que participava na sua formação.

A análise de dados foi realizada no Departamento de Produção Animal e Pastagens, da Faculdade de Agronomia / Universidad de la Republica Oriental del

Uruguay, localizado na Estação Experimental “DR. MARIO A. CASSINONI” – cidade de Paysandú, Uruguai.

Caracterização dos animais que formam o composto

As raças foram agrupadas em tipos biológicos (TBs), segundo Ferraz et al. (1999) formando quatro grupos: N (Zebu), A (Adaptado), B (Britânico) e C (Continental), denominado sistema NABC. A proporção de cada tipo biológico na composição genética do animal foi calculada a partir da composição racial do animal, sendo: proporção de N (PN), proporção de A (PA), proporção de B (PB), proporção de C (PC).

As raças utilizadas na formação da população composta e sua classificação de acordo com o tipo biológico no sistema NABC podem ser observadas na Tabela 1.

Tabela 1. Raças utilizadas na formação da população composta e classificação das mesmas de acordo com o tipo biológico no sistema NABC.

Table 1. Breeds used in the formation of the composite population and classification of the same ones in agreement with the biological type in the system NABC.

RAÇA	NABC	RAÇA	NABC	RAÇA	NABC
<i>Breed</i>	<i>NABC</i>	<i>Breed</i>	<i>NABC</i>	<i>Breed</i>	<i>NABC</i>
Adaptado	A	Gir	N	Romo Sinuano	A
Aberdeen Angus	B	Gelbvieh	C	Sallers	C
Blond D'Aquitaine	C	Guzerá	N	South Devon	B
Belmonte Red	A	Hereford	B	Senepol	A
Brahman	N	Holandês	C	Shorthorn	B
Britânico	B	Jersey	C	Simental	C
Boran	N	Limousin	C	Pardo Suíço	C
Bonsmara	A	Marchigiana	C	Tabapuã	N
Caracu	A	Nelore	N	Tarantaise	C
Charolês	C	Normando	C	Tuli	A
Chianina	C	Red Danish	C	Valdostana	C
Continental	C	Red Angus	B		
Devon	B	Red Pool	B		

N = Zebu; A = Adaptado; B = Britânico; e C = Continental.

N = Zebu; A = Adapted; B = British and C = Continental

Os grupos contemporâneos (GCs) foram definidos pelas seguintes variáveis: fazenda de nascimento, fazenda atual, sexo do bezerro, ano e época de nascimento e lote

de manejo na desmama. Deste arquivo foram eliminadas informações referentes aos animais com pais ou mães desconhecidos ou filhos de reprodutores múltiplos, assim como pertencentes aos grupos contemporâneos (GCs) com menos de cinco animais com mensurações válidas, aos GCs com apenas um touro, aos GCs formados por apenas uma composição racial, e os animais com composições que somavam valores diferentes de 100%. Depois de realizada a consistência foi formado um arquivo com 84.621 animais distribuídos em 1.549 GCs.

Na tentativa de caracterizar os animais desta população multirracial foram formados grupos de acordo com sua similaridade em algumas características visuais, que de alguma forma se relacionam com a adaptação dos animais ao ambiente de produção, assim como outras características produtivas dos diferentes genótipos. Foram utilizadas as características de: escore de pêlo, resistência à parasitas, umbigo, musculabilidade, altura de garupa, valor genético aditivo direto (VGD) e materno (VGM) do ganho-médio-diário do nascimento ao desmame (GMDND) e heterozigose total (HT).

Os VGD e VGM foram obtidos utilizando o software MTDFRELM (Boldman et al., 1995), utilizando um modelo misto com os efeitos fixos de GC, ordem de parto e os efeitos não-aditivos de heterose e os efeitos aleatórios de efeito aditivo direto e materno. As demais características foram ajustadas à 390 dias de idade do animal.

As características categóricas apresentavam a seguinte descrição de escore. Pêlos: 1) Extremamente Peludo, 2) Bastante Peludo, 3) Peludo, 4) Regular, 5) Pouco Pêlo, 6) Sem Pêlo. Resistência a Parasitas: 1) Extremamente Sensível, 2) Bastante Sensível, 3) Sensível, 4) Regular, 5) Resistente, 6) Totalmente Resistente. Musculabilidade (Notas de 1 a 6, sendo 6 a melhor nota). Umbigo: 1) Umbigo Agarrado, 2) Umbigo Curto, 3) Umbigo Normal, 4) Umbigo Frouxo, 5) Umbigo Muito Frouxo.

Para determinar quais composições raciais são mais similares, baseadas nas características descritas acima, foi realizada uma análise de cluster e construído um dendrograma com base nas distâncias euclidianas obtidas, utilizando os procedimentos CLUST e TREE do programa SAS (SAS, 1998) sendo que o número de clusters ótimo foi escolhido usando o “Cubic Clustering Criterium”. As composições raciais utilizadas nesta análise foram aquelas que contaram com informação de todas as características consideradas, totalizando 216 composições.

O programa utiliza o processo aglomerativo, o qual passo a passo vai associando as combinações raciais em clusters, reduzindo o número de grupos ao menor possível. Os grupos são separados com base nas distâncias Euclidianas entre as observações.

O método utilizado no presente trabalho foi o hierárquico aglomerativo, sendo este o mais conhecido e utilizado, no qual a agregação dos elementos ocorreu mediante o método Ward, quem tem a propriedade de minimizar a variância intra cluster.

Definição de novos tipos biológicos

Depois da caracterização do rebanho, a partir do arquivo de dados sem a formação das quatro variáveis dos TBs, foram estudadas as distâncias genéticas entre as raças formadoras do composto, na tentativa de definir tipos biológicos de acordo com seus desempenhos em ambiente tropical.

Foram utilizadas as características de ganho médio diário pré-desmame (GMDND), peso ao nascer (PN), altura de garupa (AG) e circunferência escrotal (CE) ajustado aos 390 dias de idade.

Foram obtidas as estimativas para cada raça dos efeitos aditivos diretos e maternos para as características PN e GMDND e somente diretos para as demais características, utilizando o procedimento GLM do software SAS. O modelo de análise incluiu também os efeitos fixos de GC e ordem de parto, e os efeitos não-aditivos de heterozigose.

O efeito genético aditivo direto foi obtido mediante a soma da constante de regressão e do coeficiente de regressão parcial do efeito racial direto. Os efeitos maternos resultaram dos coeficientes parciais de regressão para os componentes maternos raciais. Para a obtenção dos coeficientes de regressão foram construídas duas matrizes (direta e materna) em que as filas representaram cada animal e as colunas as raças. Os valores foram preenchidos com a proporção em que cada raça participava na composição de cada animal (para a estimação dos efeitos diretos) e com a proporção de cada raça com que participava a mãe de cada animal.

Para determinar que raças foram mais similares, baseados nos valores genéticos aditivos diretos das características AG e CE, e diretos e maternos para PN e GMDND, foi realizada a análise de clusters e construído um dendrograma com base nas distâncias euclidianas obtidas, utilizando os procedimentos CLUST e TREE do programa SAS (SAS, 1998). As raças utilizadas nesta análise foram aquelas que contaram com informação de todas as características consideradas, totalizando 19 raças. O número de clusters ótimo foi escolhido usando o critério pseudo-t.

Foi utilizado o método hierárquico aglomerativo, sendo este o mais conhecido e utilizado para este tipo de variáveis. O método Ward foi o escolhido para agregar os elementos.

Foram identificados os tipos biológicos e as respectivas raças que formam o composto, formando conjuntos de animais geneticamente semelhantes; e obtidas as herdabilidades e correlações genéticas entre estes grupos.

Resultados e Discussão

Caracterização dos animais que formam a população composta

Na tabela 2 são apresentados os quatro grupos formados pela análise de cluster, o número de composições e animais pertencentes a cada grupo.

Tabela 2. Número de composições e de animais pertencentes a cada cluster formado.

Table 2. Number of compositions and of animals belonging to each formed cluster.

Clusters <i>Clusters</i>	No. de Composições <i>Number of Compositions</i>	No. de Animais <i>Number of animals</i>	Porcentagem (%) <i>Percentage</i>
1	116	57776	69.67
2	19	20442	24.65
3	29	4169	5.03
4	16	540	0.65

O grupo 1 apresentou a maioria das combinações com a maior porcentagem dos animais concentradas no primeiro grupo, com 69,67%. Os demais grupos apresentaram números mais semelhantes. Entretanto,.

Na Tabela 3 são apresentados os coeficientes de determinação (R^2) parciais de cada característica utilizada durante o agrupamento, como também a significância da utilização desta característica na formação destes grupos. O R^2 parcial apresenta a importância relativa de cada característica para a formação dos clusters.

Tabela 3. Coeficiente de determinação parcial (R^2), Valor de F e a significância ($Pr>F$) de cada característica durante a formação dos clusters.

Table 3. Coefficient of partial determination (R^2), F Value and the significance ($Pr>F$) of each characteristic during the formation of the clusters.

Característica¹ <i>Trait</i>	R^2 Parcial (%) <i>R^2 Partial (%)</i>	Valor de F <i>F Value</i>	Pr>F <i>Pr>F</i>
RES	47,48	53,05	<0,0001
VGM	38,56	36,61	<0,0001
PEL	34,67	30,78	<0,0001
HT	26,90	21,22	<0,0001
CE	16,12	11,02	<0,0001
VGD	17,00	11,68	<0,0001
MUS	11,91	7,66	<0,0001
UMB	5,34	3,18	0,0256

¹RES= Resistência à parasitas; MUS= musculosidade; PEL= quantidade de pêlo; VGD, VGM = valor genético aditivo direto e materno para o ganho de peso na pré-desmama; HT = heterozigose total, UMB= umbigo; CE= circunferência escrotal.

¹RES = Parasite resistance; MUS = muscularity; PEL = amount of hair; VGD, VGM = direct and maternal additive genetic value for the preweaning-daily-gain; HT = total heterozigose, UMB = navel; CE = circumference scrotal.

Na Tabela 3 pode-se observar que para este conjunto de características a que mais influenciou o agrupamento foi a RES com 47,48%. O VGM para o GMDND foi o fator que influenciou em segunda ordem de importância, com 28,05%, entretanto VGD somente influenciou com 17%, e o valor de HT por último, com 19%. Na formação dos clusters foi evidenciada a importância que apresentam as características ligadas a resistência do animal, como RES, PEL e HET, assim como os efeitos maternos no período pré-desmama. Entretanto, vale lembrar que a característica de RES é subjetiva e muito influenciada pela composição racial do animal, dificultando identificar os animais realmente mais ou menos resistentes.

Na Tabela 4 são apresentadas as médias das características utilizadas em cada grupo formado. Foi adicionada a média para altura de garupa (AG) corrigida para 390 dias de idade do bezerro, somente para adicionar informação quanto a caracterização dos clusters.

Tabela 4. Médias das características em cada cluster.
Table 4. Averages of the characteristics in each cluster.

Características ¹ Traits	Clusters			
	1	2	3	4
MUS (escore)	4,14	3,90	4,27	5,00
PEL (escore)	4,76	4,67	4,94	3,29
AG (cm)	117,45	118,71	119,71	110,85
CE (cm)	27,69	23,00	28,54	28,40
UMB (escore)	2,08	2,15	2,35	1,75
RES (escore)	4,56	4,59	2,99	4,83
VGD (g)	-8,03	15,35	-14,31	2,25
VGM (g)	-41,39	-6,30	-63,56	-27,99
HT (%)	79,60	67,19	61,26	47,01

¹RES= Resistência à parasitas; MUS= musculabilidade; PEL= quantidade de pêlo; VGD, VGM = valor genético aditivo direto e materno para o ganho de peso na pré-desmama; HT = heterozigose total, UMB= umbigo; CE= circunferência escrotal; AG= altura de garupa;

¹RES = Parasite resistance; MUS = muscularity; PEL = amount of hair; VGD, VGM = direct and maternal additive genetic value for the preweaning-daily-gain; HT = total heterozigose, UMB = navel; AG = croup height; CE = circumference scrotal. AG =

Na Tabela 5 podemos observar as médias das composições raciais dos animais em cada cluster. Observando as Tabela 4 e 5 podemos caracterizar os clusters.

O Cluster 1 no qual estão representados 69,67% do animais, é definido por indivíduos medianos na maioria das características, mas apresentando os maiores valores de HT. Os animais que compõe este agrupamento apresentam composições raciais bem diversificadas, mostrando que o tipo de animal que compõe a maioria do rebanho desta população composta, não apresenta uma composição racial estabilizada, parecendo ser mais importante a retenção da heterose, padronização do desempenho e morfologia animal.

Tabela 5. Composições genéticas agrupadas nos clusters.

Table 5. Genetics compositions contained in the clusters.

Cluster	Composição Genética			
	Genetics Composition			
	PN	PA	PB	PC
1	0,3	0,4	0,2	0,1
2	0,5	0,0	0,4	0,1
3	0,2	0,6	0,1	0,1
4	0,0	0,2	0,8	0,0

PN = proporção do tipo biológico zebu; PA = proporção do tipo biológico adaptado; PB = proporção do tipo biológico britânico; PC = proporção do tipo biológico continental.

PN = zebu biologic type proportion; PA = Adapted biologic type proportion; PB = British biologic type proportion; PC = continental biologic type proportion.

O Cluster 2, com 24,65% dos animais, são indivíduos com elevado crescimento, entretanto não tão precoces. Neste agrupamento predominam animais com composição balanceada entre PN e PB.

O Cluster 3, com 5,03% dos indivíduos do arquivo, apresenta animais com menor resistência, com menores valores para VGD, e maiores para VGM. Entretanto são animais com maior precocidade sexual (maior valor de CE). Os animais deste agrupamento apresentam elevada porcentagem de PA em sua composição racial. Era esperado que fossem animais mais resistentes devido este tipo biológico agrupar raças de alta adaptabilidade.

O grupo 4 não apresenta nem 1% dos animais do arquivo, consiste em animais com alta MUS, bom potencial em ganho de peso, resistentes, com boa precocidade sexual, entretanto é o grupo que apresenta a menor porcentagem de HT. Este cluster consiste em animais com alta porcentagem de PB, com boa quantidade de animais puros.

Na Figura 2 é apresentado o dendrograma formado pela análise de cluster mostrando a similaridade entre as 180 composições raciais baseadas nos valores biológicos de MUS, PEL, CE, UMB, RES, VGD, VGM e HT.

Pode-se observar no dendrograma dois grandes grupos. O primeiro se divide em mais dois grupos formando os Clusters 4 e 2, com 16 e 19 composições, respectivamente. O segundo grande grupo forma também dois grupos, o primeiro que compreende o maior número de composições (Cluster 1) e um segundo menor, o Cluster 3.

Dentro dos clusters formados são encontrados subgrupos que vão se dividindo em mais grupos, de acordo com a similaridades entre as composições, baseadas nas características utilizadas.

Um estudo mais detalhado pode checar os subgrupos e observar as similaridades e dissimilaridades entre as composições. Vale lembrar que a utilização de outras características podem interferir na formação dos clusters.

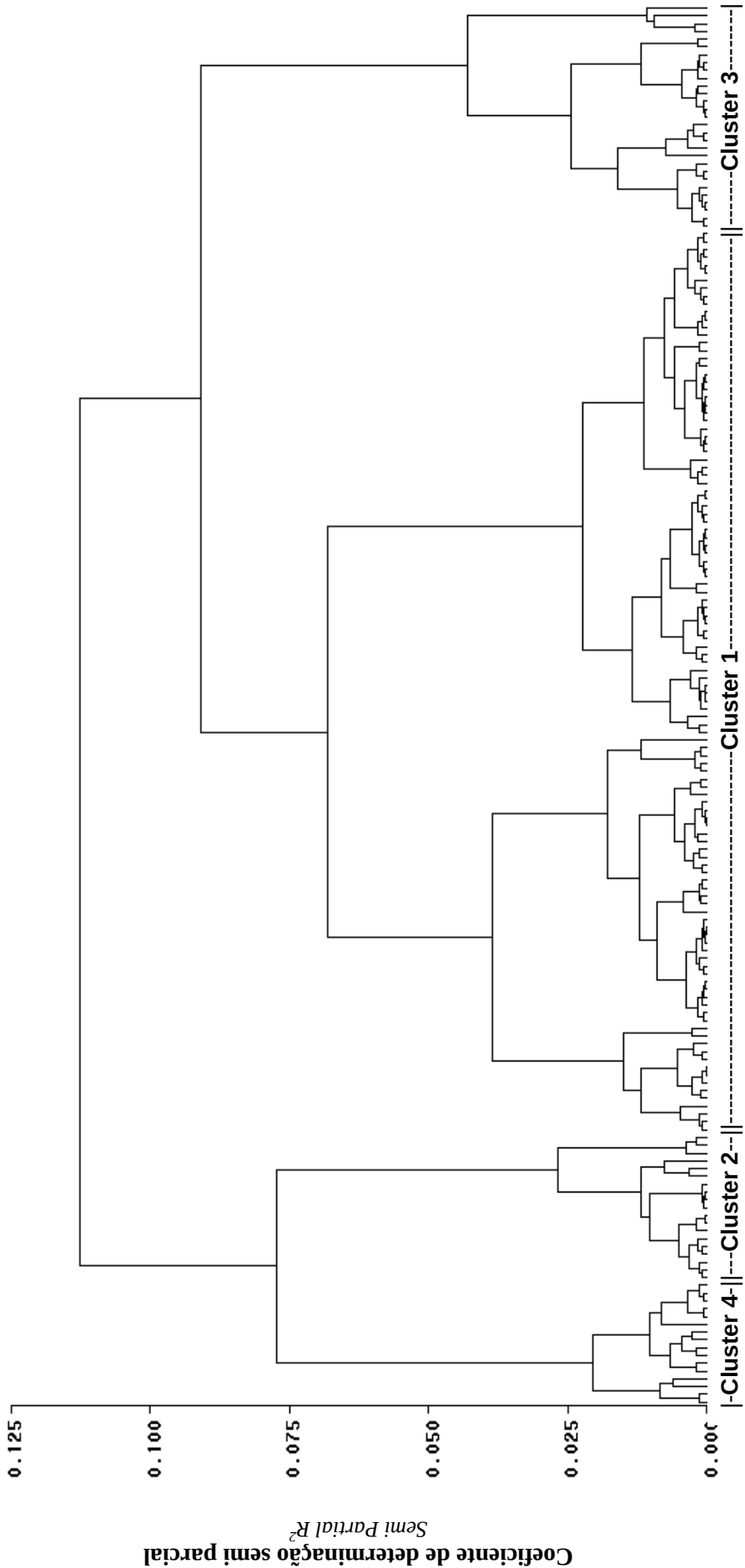


Figura 2. Dendrograma mostra a similaridade entre as 180 composições raciais baseadas nos valores biológicos: musculosidade, pêlo, circunferência escrotal, umbigo, resistência à parasitas, valor genético aditivo direto e materno para ganho de peso na pré-desmama e heterose total.

Figure 2. Dendrograma shows the similarity among the 180 racial compositions based in the biological values: muscularity, hair, circumference scrotal, navel, heterose total.

Estudos das distância genéticas entre as raças

Na Tabela 7 são apresentados os efeitos aditivos diretos e maternos para as diferentes raças e características. As estimativas são acompanhadas com os seus erros-padrão (EP) obtidos diretamente do modelo de regressão. Como nas composições os valores somam 1, a regressão foi feita em relação à raça Tuli (por ser a última inserida no modelo).

Tabela 7. Estimativas dos efeitos raciais diretos e maternos para as características peso ao nascer, ganho médio diário pré-desmama (GMDND), altura de garupa (AG), circunferência escrotal (CE).
 Table 7. Estimates of the direct and maternal racial effects for the characteristics birth weight (PN), preweaning-daily-gain (GMDND), croup height (AG), circumference scrotal (CE).

Raças <i>Breeds</i>	PN (kg)		GMDND (g)		AG (cm)	CE (cm)
	Direto <i>Direct</i>	Materno <i>Maternal</i>	Direto <i>Direct</i>	Materno <i>Maternal</i>	Direto <i>Direct</i>	Direto <i>Direct</i>
Angus (ANG)	29,8 (1,1)	0,6 (0,5)	657,7 (26)	7,1 (12,6)	115,0 (2,7)	25,3 (1,6)
Belmont Red (BLR)	28,8 (0,6)	-0,1 (0,4)	663,8 (15)	-12,4 (8,1)	114,5 (1,7)	23,5 (1)
Bonsmara (BSM)	29,5 (0,6)	-0,8 (0,4)	651,0 (14,5)	-60,1 (8,6)	115,4 (1,7)	24,1 (1)
Caracu (CAR)	29,4 (0,8)	0,1 (0,5)	640,0 (18)	33,7 (11,9)	114,9 (2,2)	24,3 (1,2)
Charolês (CHA)	30,4 (1,6)	-0,3 (0,8)	667,1 (36)	8,1 (19)	115,3 (4,1)	25,0 (2,2)
Devon (DEV)	32,0 (1,1)	-1,3 (0,5)	671,3 (24,2)	1,9 (12,4)	111,4 (2,7)	23,9 (1,2)
Gelbvieh (GLB)	30,3 (0,9)	0,1 (0,5)	682,9 (20,4)	7,0 (10,7)	116,9 (2,3)	28,1 (1,3)
Hereford (HER)	28,7 (0,9)	0,7 (0,4)	652,2 (20,8)	14,5 (9,8)	114,6 (2,2)	23,9 (1,2)
Holandês (HOL)	29,7 (3,6)	0,4 (3,2)	624,0 (81,9)	-12,4 (73,1)	114,5 (13,5)	26,2 (6,4)
Limousin (LIM)	30,5 (0,8)	-0,3 (0,4)	654,6 (18,9)	14,9 (8,8)	114,5 (2)	24,9 (1,1)
Nelore (NEL)	31,2 (0,8)	-1,4 (0,3)	596,0 (17,4)	38,7 (7,6)	114,0 (1,9)	19,2 (1,1)
Red Angus (RED)	30,3 (0,7)	0,3 (0,3)	650,1 (15,1)	16,0 (7,3)	114,8 (1,8)	25,7 (1)
Romosinuano (RSN)	29,2 (1,1)	-0,9 (0,8)	683,9 (24,4)	-13,0 (18,3)	114,9 (2,8)	24,5 (1,5)
Sallers (SAL)	26,0 (3,7)	0,2 (2,4)	749,0 (84,6)	-105,6 (54,3)	121,3 (9,6)	15,1 (4,1)
South Devon (SDE)	30,4 (0,7)	0,2 (0,3)	650,8 (16,2)	13,0 (8)	115,0 (2)	25,9 (1,2)
Senepol (SEP)	29,4 (0,6)	0,8 (0,4)	650,1 (14,6)	-11,1 (8,9)	115,0 (1,7)	24,0 (1)
Simental (SIM)	30,4 (0,7)	-0,1 (0,3)	650,0 (16)	19,5 (7,7)	115,0 (1,9)	25,1 (1,1)
Pardo Suíço (SUI)	30,7 (1,2)	-0,2 (0,6)	661,6 (28,7)	11,3 (14,2)	115,1 (2,8)	25,6 (1,7)
Tulli (TUL)	29,3	0 (0,3)	655,9	0 (7,1)	115,0 (0,8)	24,0 (0,5)

Na Tabela 8 é apresentado o resumo das cinco análises de cluster realizadas colocando diferentes conjuntos de variáveis. Quando o agrupamento é feito nem todas as características que são incluídas na análise são consideradas na formação do cluster,

entretanto vão influenciar as características que serão consideradas e sua importância na formação dos grupos.

Analisando a Tabela 8, observa-se que nas Análises 1, 2 e 4, apesar de serem incluídas nas análises e consideradas na formação dos clusters diferentes características, foram formados o mesmo número de grupos, com a mesma proporção de raças. Na Análise 2 foi retirada a CE, entretanto mantendo a mesma formação que a Análise 1. Quando somente a AG é retirada da análise (3) há uma mudança na formação dos grupos, indicando que esta característica estaria influenciando mais a formação dos clusters do que a CE. Se as duas características (CE e AG) não são incluídas, a formação volta a ser a mesma da obtida na análise completa (Análise 1).

Na Análise 5 somente foram consideradas as características de ganho-médio-diário aditivo direto (GMDD) e materno (GMDM), havendo a formação de apenas dois grupos, diferentes dos demais obtidos.

Tabela 8. Resumo das análises realizadas, variando-se as características, na formação dos clusters de acordo com a composição racial do animal

Table 8. Summary of the analyses, being varied the trait, in the formation of the cluster in agreement with the racial composition of the animal

Análise Analyse	Características Traits	Características consideradas Considerate traits	R ² Parcial Partial R ²	Número de clusters Number of clusters	Nº raças em cada cluster (CL) Number of breeds in each cluster
1	CE, AG, PND, PNM, GMDD, GMDM	AGD CED PND GMDD	85,81** 70,17** 61,40** 48,31*	3	CL1 – 16 CL2 – 2 CL3 – 1
2	AG, PND, PNM, GMDD, GMDM	AG PNM GMDM	85,81** 43,88* 37,20*	3	CL1 – 16 CL2 – 2 CL3 – 1
3	CE, PND, PNM, GMDD, GMDM	GMDD CE PNM	86,55** 83,41** 68,19**	4	CL1 – 7 CL2 – 10 CL3 – 1 CL4 – 1
4	PND, PNM, GMDD, GMDM	PND GMDD PNM	76,58** 40,47* 39,86*	3	CL1 – 16 CL2 – 2 CL3 – 1
5	GMDD, GMDM	GMDM GMDD	58,66** 20,31	2	CL1 – 18 CL2 – 1

GMDD: ganho médio diário aditivo direto; GMDM: ganho médio diário aditivo materno; PND: peso ao nascer direto; PNM: peso ao nascer materno; AG: altura de garupa; CE: circunferência escrotal. AGD: altura de garupa aditivo direto; CED: circunferência escrotal aditivo direto.

GMDD: additive direct dairy weaning gain; GMDM: additive maternal dairy weaning gain; PND: additive direct birth weigh; PNM: additive maternal birth weigh; AG: croup height; CE: circumference scrotal; AGD: additive direct croup height; CED: additive direct circumference scrotal.

Considerando que a formação dos clusters foram semelhantes nas cinco análises, optou-se por permanecer com a primeira, devido apresentar o maior número de características e de acordo com Everitt (1986), parece que quanto maior o número de variáveis, mais subsídios se terá para fazer os clusters.

Assim sendo, o Cluster 1 foi formado com as raças ANG, SEP, HER, CAR, RED, SDE, HOL, CHA, SUI, LIM, SIM, GLB, BLR, TUL, RSN, BSM. O Cluster 2 com DEV, NEL. O Cluster 3 somente com a SAL.

A raça SAL foi separada em um cluster em relação as demais raças. Esta raça surgiu na região sul da França, caracterizando-se pelos animais de grande altura, boa fertilidade, produção de leite e tolerância aos extremos climáticos, e muitas vezes considerada como de dupla aptidão. Neste trabalho, destaca-se o valor atingido pelo GMDD e o valor negativo para GMDM, visivelmente superior aos das outras raças, provavelmente influenciando na sua separação completa das demais raças.

Na Figura 3 está apresentado o dendograma obtido pela análise de agrupamento das raças de acordo com sua distância genética, com base nas características que foram levadas em conta.

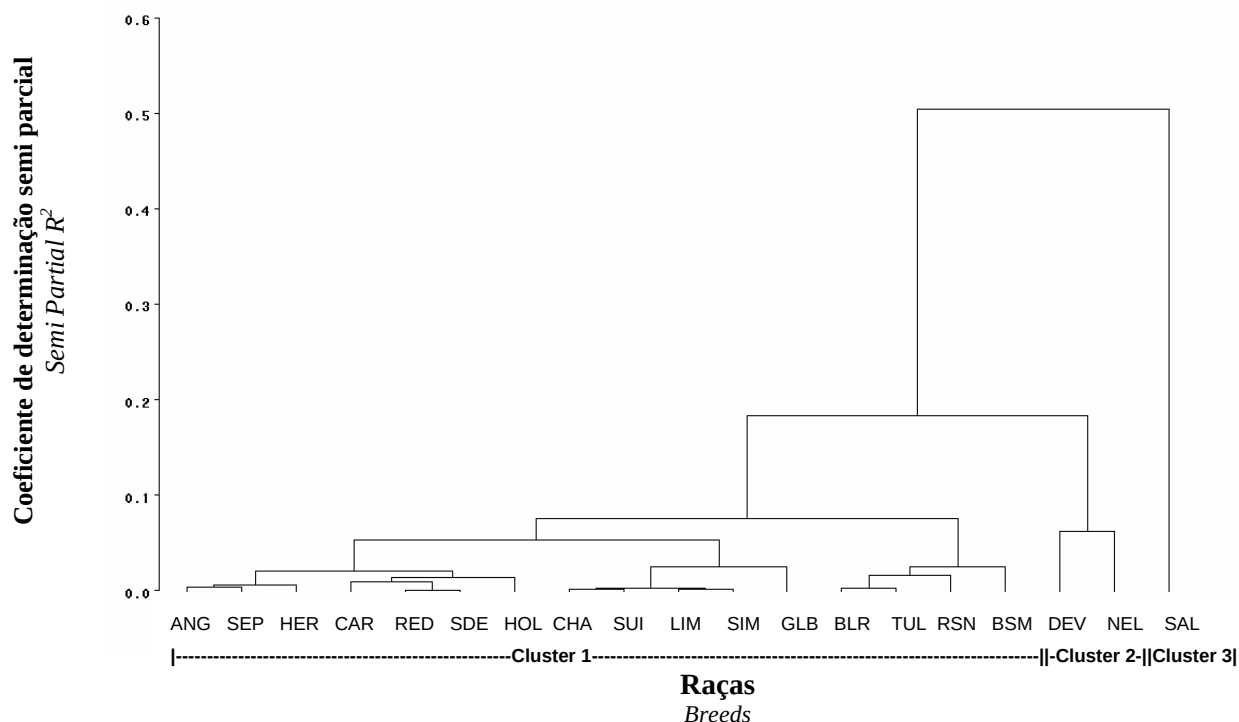


Figura 3. Dendrograma da similaridade genética entre as raças formadoras do composto tropical no Brasil
 Figure 3. Dendrograma of the genetic similarity among the breeds that formed the tropical composition in Brazil

No grupo maior visualiza-se a formação de quatro subgrupos menores, sendo o primeiro composto pelas raças maternas de menor porte ANG, HER e a SEP, raça sintética formada pela Red Poll, também com características maternas e de menor porte. O segundo subgrupo foi composto pelas raças CAR, RED, SDE e HOL, sendo que as de origem britânica RED e SDE são mais similares e o CAR e HOL, estão mais distantes no mesmo grupo. O terceiro subgrupo foi formado pelas raças européias continentais CHA, SUI, LIM, SIM, GLB caracterizadas pelos seus altos potenciais em crescimento, tamanhos adultos e menores precocidades. O quarto grupo foi formado pelas raças adaptadas BLR, TUL, RSN, BSM, maioria delas ainda consideradas como compostas. Roughsedge et al. (2001) obteve resultados semelhantes, entretanto considerou para o agrupamento nove característica resultando em 17 raças clusterizadas, de vários experimentos realizados nos EUA, Canadá, Austrália e Nova Zelândia. Nas

raças consideradas não havia zebuínas, compostas ou as que, neste trabalho, são consideradas adaptadas ao clima tropical.

Observa-se as maiores distâncias genéticas entre a raça Nelore (de origem zebuína) com as raças Britânicas. Estas distâncias provavelmente estejam explicadas pelos processos de seleção sofridos em cada uma, sendo a Nelore mais adaptada ao clima tropical e as Britânicas aos climas temperados, além do tempo que em cada uma operou dita seleção (centos de anos nas Britânicas e apenas poucas dezenas de anos no Nelore). A exceção da raça Sallers, as distâncias observadas no diagrama parecem indicar maiores dissimilaridades aditivas entre as raças mais adaptadas aos climas tropicais (Nelore, Bonsmara, etc.) com aquelas que têm sido sujeitas a maior pressão de seleção, neste caso as de origem britânicas (Angus, Hereford).

No dendrograma observa-se tendências nos agrupamentos diferentes às esperadas nos agrupamentos raciais propostos pelo sistema NABC. Dentro das raças consideradas como Adaptadas (Romo sinuano, Belmont red, Bonsmara, Caracu, Senepol e Tulli), mesmo que na maioria dos casos encontraram-se no mesmo cluster, a distância genética aparece maior entre elas do que com raças qualificadas com outros propósitos (no NABC). Exemplo disto são as raças Senepol e Tuli, ambas consideradas como Adaptadas, mas na maioria dos dendrogramas encontraram-se muito distanciadas, e, do mesmo modo, a raça Senepol aparece agrupada com as raças Britânicas. De modo geral, os biotipos continentais agrupam-se próximos e localizados no centro do dendrograma, assim como as raças de origem britânica no extremo esquerdo. No entanto, devemos levar em conta que os caracteres que foram incluídos na análise são indicadores do crescimento, da precocidade e do tamanho adulto potencial que cada genótipo atinge nas condições de produção do Brasil. É possível que os resultados mudem ao agregar

outras características que indiquem o grau de adaptação dos diferentes genótipos, como intervalos entre partos ou resistência aos parasitas.

Se estas tendências de agrupamentos se mantiverem, estes resultados estariam indicando que as raças escolhidas dentro de cada componente do NABC não necessariamente estão obedecendo ao propósito buscado nelas. Nesse caso, seria necessária uma profunda revisão dos genótipos que hoje no Brasil são chamados de Adaptados, assim como a potencialidade dos outros grupos como representantes de certo tipo racial.

Deve-se lembrar também que estes resultados (raciais) não foram obtidos de experimentos dialélicos e/ou balanceados, nos quais cada raça paterna e materna é mantida como pura simultaneamente com os vários cruzamentos. Por causa disto, os valores obtidos neste trabalho são apenas estimações sujeitas a pressuposições iniciais. Além destas dificuldades, outros problemas devidos à utilização de valores obtidos em diferentes populações e programas são reportados por Roughsedge et al. (2001).

Com as estimativas dos valores raciais das diferentes raças puras, assim como a distância genética entre elas, pode-se determinar os potenciais possíveis de atingir nos diversos cruzamentos. Se estas estimativas forem combinadas com estimativas de habilidade específica de combinação, uma estimativa do potencial genético pode ser obtida para determinados cruzamentos. Por outro lado, poderia ser aplicado o método utilizado por Roughsedge et al. (2001), no qual a heterose é estimada não apenas pela heterozigose do animal senão também levando em consideração a distância genética entre as raças, uma vez que a heterose muda com ela.

Entretanto, fica em evidência a necessidade de realizar trabalhos que avaliem o desempenho de animais cruzados e de raças compostas em ambiente tropical, podendo identificar assim, a potencialidade desta ferramenta nos ambientes de produção do

Brasil. Sistemas de cruzamentos com delineamentos dialélicos permitiriam obter estimativas em forma precisa a heterose em cada combinação racial para os ambientes avaliados. Contar com estas informações não só possibilitaria conhecer o alcance dos cruzamentos, mas também facilitaria a correção pelos valores das heteroses reais nas avaliações genéticas multirraciais.

Conclusões

Os animais que compõe a população composta estudada apresentam composições raciais bem diversificadas, mostrando que o tipo de animal que compõe a maioria do rebanho, não apresenta uma composição racial estabilizada, sendo mais importante a retenção da heterose, padronização do desempenho e morfologia animal.

Os valores genéticos dos animais cruzados possibilitaram estimar as contribuições raciais de cada uma das raças puras participantes e agrupar as raças de acordo com as similaridades entre as características estudadas. Os agrupamentos raciais observados neste trabalho pelas características de desempenho em clima tropical diferem daquele definido pelo sistema NABC.

Referências Bibliográficas

- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. et al. **A manual for use of MTDFREML- a set of programs to obtain estimates of variances and covariances** (DRAFT). Lincoln, USDA-ARS, 1995.
- EVERITT, B.S. **Cluster analysis**. Hampshire: Gower Publishing Company Limited, 1986.
- FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; GOLDEN, B.L. A formação do Composto Montana Tropical. **Rev. Bras. Reprod. Anim.**, v.23, n.2, 1999.
- ROUGHSEGE et al. Synthesis of direct and maternal genetic components of economically important traits from beef breed-cross evaluations. **J. Anim. Sci.** V. 79, p. 2307–2319. 2001.
- SAS INSTITUTE. **SAS/STAT, user's guide, version 6.12**, 4th ed. Cary, 1998. 842p.
- GREGORY, K.E. & CUNDIFF, L.V. Breeding program to use heterosis and breed complementary. **Rev. Reprod. Anim.**, v.23, n.2, p.65-70, 1999.

OLSON, T. The production and use of composite breeds in the tropics. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE RAÇAS ZEBUÍNAS, 3. Uberaba, 1998. **Anais...** Uberaba:ABCZ, 1998. p.156-163.

PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento Genético Aplicado à produção Animal**. 3. ed. Belo Horizonte: 2001. 555p.

CAPÍTULO 5

IMPLICAÇÕES

Implicações

A maioria da população bovina no Brasil é formada por populações vindas de cruzamentos entre animais *Bos indicus* x *Bos indicus* ou *Bos indicus* x *Bos taurus*. Com o aumento da demanda de animais cruzados, há uma tendência para que este número de populações aumente.

Entretanto, a maioria dos programas de avaliação genética não consideram a influência dos efeitos não-aditivos sobre as características de importância econômica. Neste trabalho foi verificada a existência do efeito de heterose e heterose materna sobre a característica de ganho médio diário no pré-desmame em uma população composta, evidenciando que devem ser procurados modelos para avaliar populações multirraciais que sejam capazes de estimar os efeitos aditivos, sem a interferência dos efeitos não-aditivos. Estudos mais detalhados desses efeitos requerem pesquisas com dados mais estruturados e modelos mais completos.

O efeito racial materno também foi uma importante fonte de variação e pode contaminar as estimativas dos efeitos diretos se não for considerado no modelo, assim deve ser considerado nas análises, quando se supõe sua presença nas características analisadas neste tipo de população.

Quanto ao estudo do agrupamento das raças em tipos biológicos, ficou evidenciado que as raças enquadradas em cada componente do sistema NABC não necessariamente estariam obedecendo ao propósito buscado nelas. Mais estudos sobre o comportamento destas raças em clima tropical são necessários para que o sistema NABC possa ser validado.

ANEXO 1 - CAPÍTULO 3

Efeito Aditivo Racial dos Tipos Biológicos

As estimativas e os desvios padrão, obtidas pelas análises de variância dos Modelos 1, 2 e 3 da 1ª etapa de análise, para os efeitos raciais dos TBs são apresentadas na Tabela 1 para os dados simulados de GMD, e expressos como desvios do TBN, para os grupos de simulação S1, S2, S3 e S4.

Tabela 1. Estimativas dos efeitos aditivos raciais dos tipos biológicos, obtidos pelos modelos estudados da 1ª. Etapa, para a característica de ganho-médio-diário no pré-desmame, para os arquivos simulados (S1, S2, S3 E S4).

Análise	Efeitos ¹							
	S1		S2		S3		S4	
	PA ²	DP	PA ²	DP	PA ²	DP	PA ²	DP
A11	-8,89	6,81	4,36	9,63	-13,16	4,62	0,47	6,95
A12	-12,14	29,63	12,93	40,80	-5,26	16,43	9,05	34,36
A13	-11,82	28,79	13,16	40,70	-4,26	15,53	9,46	33,84
A21	-8,49	7,52	37,86	13,70	35,69	4,84	28,63	9,26
A22	-12,17	29,22	10,23	41,84	-5,24	16,73	8,08	35,95
A23	-11,77	28,38	10,06	42,10	-4,06	15,86	8,55	35,19
A31	-58,66	7,52	31,72	13,70	29,55	4,84	22,48	9,26
A32	-10,12	29,22	9,59	41,84	-5,88	16,73	7,44	35,95
A33	-11,77	28,38	10,06	42,10	-4,06	15,86	8,55	35,19
Simulado	-10		-10		-10		-10	
Análise	S1		S2		S3		S4	
	PB ²	DP	PB ²	DP	PB ²	DP	PB ²	DP
A11	20,88	22,80	50,97	17,87	20,66	34,55	26,99	23,62
A12	15,39	45,95	54,99	18,07	18,82	48,96	25,33	27,16
A13	20,95	42,39	58,62	17,91	22,51	48,67	27,06	27,13
A21	58,97	25,41	40,14	15,40	33,12	35,04	40,01	22,45
A22	13,61	48,97	55,13	15,45	18,19	47,28	25,80	28,65
A23	20,35	45,45	56,89	16,79	21,76	47,93	27,36	28,29
A31	38,94	25,41	19,99	15,40	12,97	35,04	19,87	22,45
A32	2,46	48,97	51,81	15,45	14,87	47,28	22,48	28,65
A33	20,35	45,45	56,89	16,79	21,76	47,93	27,36	28,29
Simulado	30		30		30		30	
Análise	S1		S2		S3		S4	
	PC ²	DP	PC ²	DP	PC ²	DP	PC ²	DP
A11	151,69	15,93	171,94	30,63	151,36	25,68	158,27	17,07
A12	148,32	19,23	178,89	88,18	146,94	35,04	160,14	43,78
A13	155,03	15,18	184,27	89,86	153,52	33,68	163,15	43,59
A21	168,97	20,09	137,38	29,59	127,35	29,21	148,03	17,83
A22	141,61	20,76	181,97	88,80	146,24	30,55	159,74	41,70
A23	149,20	15,94	185,04	89,76	151,62	30,15	162,10	40,70
A31	229,17	20,09	177,28	29,59	167,25	29,21	187,93	17,83
A32	124,25	20,76	174,84	88,80	139,12	30,55	155,54	47,56
A33	149,20	15,94	185,04	89,76	151,62	30,15	162,10	40,70
Simulado	160		160		160		160	

¹Efeitos genéticos aditivos estimados como desvio do tipo biológico Nelore. ²PA; PB; PC = Proporção dos tipos biológicos Nelore, Adaptado e Continental; A11; A12; A13; A21; A22; A23; A31; A32; A33 = referente as análises realizadas combinando as simulações realizadas (1, 2, 3) e os modelos utilizados na 1ª. Etapa (1, 2, 3).

Efeito Racial Materno dos Tipos Biológicos

Os resultados estão apresentados para os três conjuntos de dados simulados quando analisados pelos modelos 2 e 3 da 1ª. Etapa de análise, pois o modelo 1 não considera o efeito materno, formando seis conjuntos de resultados para cada grupo de simulação (S1 à S4). As estimativas obtidas pelas análises com os Modelos 2 e 3 na 1ª Etapa, para os efeitos aditivos maternos dos tipos biológicos são apresentadas na Tabela 2 para os dados simulados de GMD, e expressos como desvios do MN.

Tabela 2. Estimativas dos efeitos aditivos maternos dos tipos biológicos, obtidos pelos modelos estudados da 1ª. Etapa, para a característica de ganho-médio-diário no pré-desmame (GMD), para os arquivos simulados (S1, S2, S3 E S4).

Table 2. Estimates of the maternal additive effects of the biological types, obtained by the studied models of the 1st. Stage, for the preweaning-daily-gain characteristic (GMD), for simulation archives (S1, S2, S3 E S4).

Análise	Efeitos ¹							
	S1		S2		S3		S4	
	MA ²	DP	MA ²	DP	MA ²	DP	MA ²	DP
A12	4,55	28,78	-9,31	37,01	-6,69	23,69	-7,65	37,51
A13	4,21	25,38	-8,98	36,25	-12,53	18,23	-11,74	32,68
A22	16,08	31,03	19,89	34,72	40,95	23,98	22,14	39,69
A23	16,34	28,00	20,78	34,72	32,49	17,58	16,30	32,80
A32	-31,14	31,03	12,72	34,72	33,79	23,98	14,98	39,69
A33	16,34	28,00	20,78	34,72	32,49	17,58	16,30	32,80
Simulado	10		30		45		30	
	MB ²	DP	MB ²	DP	MB ²	DP	MB ²	DP
A12	7,09	32,29	-5,27	13,80	2,63	24,36	2,19	35,81
A13	11,45	30,02	-3,48	13,20	0,91	25,88	3,08	36,88
A22	58,96	31,99	-21,18	11,70	17,81	24,97	17,45	36,36
A23	62,98	28,45	-18,15	12,50	17,65	26,25	17,43	37,62
A32	51,14	31,99	-40,95	11,70	-1,95	24,97	-2,31	36,36
A33	62,98	28,45	-18,15	12,50	17,65	26,25	17,43	37,62
Simulado	50		-15		15		15	
	MC ²	DP	MC ²	DP	MC ²	DP	MC ²	DP
A12	4,30	21,31	-7,06	53,58	4,51	28,13	-1,14	39,19
A13	-12,79	19,44	-25,72	57,35	-22,96	28,71	-13,15	46,15
A22	35,41	20,68	-43,83	54,54	-13,80	29,29	-7,28	36,52
A23	18,45	16,66	-55,77	58,96	-33,17	30,29	-15,15	43,24
A32	103,21	20,68	-5,88	54,54	24,14	29,29	30,66	36,52
A33	18,45	16,66	-55,77	58,96	-33,17	30,29	-15,15	43,24
Simulado	30		-35		-20		-5	

¹Efeitos genéticos aditivos maternos estimados como desvio do tipo biológico Nelore. ²MA; MB; MC = Proporção dos tipos biológicos maternos: Nelore, Adaptado e Continental; A13; A22; A23; A32; A33 = referente às análises realizadas combinando as simulações realizadas (1, 2, 3) e os modelos utilizados na 1ª. Etapa (2, 3).

Efeito de Heterose Individual

As estimativas para os efeitos não-aditivos obtidas pelas análises de variância dos modelos são apresentadas nas Tabelas 3 e 4 para os dados simulados de GMD.

Tabela 3. Estimativa dos efeitos não-aditivos das heteroses estimadas utilizando os modelos estudados da 1ª. Etapa, para a característica de ganho-médio-diário no pré-desmame (GMD) para os arquivos simulados (S1, S2, S3 E S4).

Análise	Efeitos ¹							
	S1		S2		S3		S4	
	HNA ²	DP	HNA ²	DP	HNA ²	DP	HNA ²	DP
A11	-86,29	16,32	-62,37	11,98	-65,15	10,90	-61,92	5,90
A12	-83,42	8,01	-69,06	22,85	-70,96	11,58	-68,17	22,54
A13	-81,69	9,05	-68,10	23,17	-70,53	12,80	-68,05	22,75
A21	-88,25	17,23	-88,24	8,77	-102,99	11,87	-84,67	8,30
A22	-81,82	8,63	-68,34	23,61	-57,70	35,79	-67,90	21,72
A23	-79,68	9,73	-67,89	23,57	-70,32	10,69	-68,00	22,06
A31	-53,69	17,23	-85,36	8,77	-100,10	11,87	-81,78	8,30
A32	-88,05	8,63	-71,62	23,61	-74,09	9,62	-71,17	21,72
A33	-79,68	9,73	-67,89	23,57	-70,32	10,69	-68,00	22,06
Simulado	-85		-65		-65		-65	
Análise	S1		S2		S3		S4	
	HNB ²	DP	HNB ²	DP	HNB ²	DP	HNB ²	DP
	HNB ²	DP	HNB ²	DP	HNB ²	DP	HNB ²	DP
A11	33,97	13,72	53,19	4,69	56,95	15,25	52,24	11,29
A12	37,83	14,56	49,84	5,18	57,76	15,02	52,73	22,70
A13	34,41	13,19	47,62	4,31	55,64	14,48	51,69	23,47
A21	9,09	12,39	57,97	4,24	47,18	16,16	41,68	10,64
A22	39,51	16,31	48,80	4,39	58,97	13,65	51,90	21,11
A23	35,41	14,67	47,64	4,33	56,90	13,33	51,02	21,59
A31	23,42	12,39	70,76	4,24	59,96	16,16	54,47	10,64
A32	46,83	16,31	51,57	4,39	61,74	13,65	54,67	21,11
A33	35,41	14,67	47,64	4,33	56,90	13,33	51,02	21,59
Simulado	35		55		55		55	
Análise	S1		S2		S3		S4	
	HNC ²	DP	HNC ²	DP	HNC ²	DP	HNC ²	DP
	HNC ²	DP	HNC ²	DP	HNC ²	DP	HNC ²	DP
A11	80,01	13,46	92,51	14,82	79,16	7,76	90,07	19,80
A12	82,68	10,74	87,86	25,76	81,49	18,89	88,92	26,97
A13	78,85	11,41	84,82	26,12	77,92	17,63	87,24	26,80
A21	65,68	13,95	110,31	15,01	88,86	7,94	92,40	22,26
A22	86,52	9,17	85,19	27,24	82,09	15,09	88,64	28,47
A23	82,19	9,72	83,44	27,11	79,11	14,02	87,37	27,61
A31	36,91	13,95	92,06	15,01	70,60	7,94	74,15	22,26
A32	96,85	9,17	90,26	27,24	87,16	15,09	93,71	28,47
A33	82,19	9,72	83,44	27,11	79,11	14,02	87,37	27,61
Simulado	75		85		85		85	

²HNA; HNB; HNC = Proporção das heteroses esperadas; A11; A12; A13; A21; A22; A23; A31; A32; A33 = referente as análises realizadas combinando as simulações realizadas (1, 2, 3) e os modelos utilizados na 1ª. Etapa (1, 2, 3).

Tabela 4. Estimativa dos efeitos não-aditivos das heterososes estimadas utilizando os modelos estudados da 1ª. Etapa, para a característica de ganho-médio-diário no pré-desmame (GMD) para os arquivos simulados (S1, S2, S3 E S4).

Análise	Efeitos ¹							
	S1		S2		S3		S4	
	HAB ²	DP	HAB ²	DP	HAB ²	DP	HAB ²	DP
A11	-125,37	12,82	-68,27	6,94	-55,83	10,13	-65,43	5,62
A12	-126,38	10,60	-70,48	10,91	-60,08	5,73	-70,14	7,99
A13	-123,75	10,51	-69,02	11,21	-59,09	5,04	-69,57	7,35
A21	-107,13	13,05	-85,93	8,70	-72,40	9,58	-71,82	7,65
A22	-125,82	11,65	-68,13	11,67	-61,76	6,15	-69,73	7,33
A23	-122,79	11,63	-67,06	11,90	-60,93	5,22	-69,16	6,70
A31	-94,05	13,05	-92,58	8,70	-79,05	9,58	-78,47	7,65
A32	-129,10	11,65	-67,55	11,67	-61,18	6,15	-69,15	7,33
A33	-122,79	11,63	-67,06	11,90	-60,93	5,22	-69,16	6,70
Simulado	-125		-65		-65		-65	
Análise	HAC ²		HAC ²		HAC ²		HAC ²	
	DP		DP		DP		DP	
	HAC ²	DP	HAC ²	DP	HAC ²	DP	HAC ²	DP
A11	-46,60	10,03	-15,03	7,16	-10,40	8,68	-13,72	3,18
A12	-45,86	10,08	-16,61	18,66	-14,74	12,12	-16,35	12,61
A13	-47,87	11,33	-17,69	19,10	-15,64	11,93	-16,68	13,65
A21	-41,25	11,02	-40,10	10,31	-38,06	11,66	-26,63	5,02
A22	-44,08	9,87	-16,57	16,98	-14,51	17,07	-13,47	15,45
A23	-45,92	11,45	-17,71	16,69	-14,91	16,60	-13,34	16,85
A31	8,28	11,02	-17,30	10,31	-15,26	11,66	-3,83	5,02
A32	-40,48	9,87	-12,39	16,98	-10,34	17,07	-9,29	15,45
A33	-45,92	11,45	-17,71	16,69	-14,91	16,60	-13,34	16,85
Simulado	-45		-15		-15		-15	
Análise	HBC ²		HBC ²		HBC ²		HBC ²	
	DP		DP		DP		DP	
	HBC ²	DP	HBC ²	DP	HBC ²	DP	HBC ²	DP
A11	0,15	27,25	-5,17	10,81	6,29	27,40	-6,38	17,54
A12	0,73	25,69	-5,46	9,54	5,48	27,38	-6,50	18,16
A13	-1,35	26,35	-6,74	10,67	4,45	26,99	-7,11	19,37
A21	0,34	28,94	-12,45	8,73	-2,56	29,23	-10,04	18,84
A22	3,57	27,76	-7,27	7,53	4,55	29,82	-5,26	19,33
A23	1,59	28,53	-8,65	8,93	4,09	29,98	-5,70	21,31
A31	16,44	28,94	-3,71	8,73	6,18	29,23	-1,30	18,84
A32	5,53	27,76	-6,94	7,53	4,88	29,82	-4,93	19,33
A33	1,59	28,53	-8,65	8,93	4,09	29,98	-5,70	21,31
Simulado	-5		5		5		5	

²HAB; HAC; HBC = Proporção das heterososes esperadas; A11; A12; A13; A21; A22; A23; A31; A32; A33 = referente as análises realizadas combinando as simulações realizadas (1, 2, 3) e os modelos utilizados na 1ª. Etapa (1, 2, 3).

Efeitos das Heteroses Maternas

As estimativas para os efeitos não-aditivos maternos obtidas pelas análises de variância dos modelos são apresentadas na Tabela 5 para os dados simulados de GMD.

Tabela 5. Estimativa dos efeitos não-aditivos das heteroses maternas estimadas utilizando os modelos estudados da 1ª. Etapa, para a característica de ganho-médio-diário no pré-desmame (GMD) para os arquivos simulados (S1, S2, S3 E S4).

Análise	Efeitos ¹							
	S1		S2		S3		S4	
	HMNA ²	DP	HMNA ²	DP	HMNA ²	DP	HMNA ²	DP
A13	-4.79	5.76	-4.16	9.79	-0.93	3.56	0.06	5.61
A23	-6.56	6.19	-2.52	10.28	1.26	4.32	0.48	7.37
A33	-43.13	5.88	2.48	10.28	6.26	4.32	5.48	7.37
Simulado	-35		5		5		5	
	HMNB ²	DP	HMNB ²	DP	HMNB ²	DP	HMNB ²	DP
A13	-7.48	3.10	-4.04	3.15	-1.67	4.56	-1.71	5.84
A23	-8.37	2.75	-3.21	2.32	-2.58	4.32	-0.99	6.10
A33	-23.37	2.75	-18.21	2.32	-17.58	4.32	-15.99	6.10
Simulado	-15		-15		-15		-15	
	HMNC ²	DP	HMNC ²	DP	HMNC ²	DP	HMNC ²	DP
A13	5.74	5.62	7.30	3.07	11.69	4.09	5.02	6.53
A23	4.81	5.72	5.32	4.04	7.38	4.91	3.08	6.99
A33	29.81	5.72	20.32	4.04	22.38	4.91	18.08	6.99
Simulado	25		15		15		15	
	HMAB ²	DP	HMAB ²	DP	HMAB ²	DP	HMAB ²	DP
A13	-2.10	9.67	-1.30	5.41	4.92	7.65	1.61	4.55
A23	-1.75	11.68	-2.35	8.54	3.92	7.95	4.69	6.37
A33	-46.75	11.68	-47.35	8.54	-41.08	7.95	-40.31	6.37
Simulado	-45		-45		-45		-45	
	HMAC ²	DP	HMAC ²	DP	HMAC ²	DP	HMAC ²	DP
A13	6.62	18.39	10.89	10.25	19.02	10.36	11.10	6.50
A23	5.91	20.91	7.50	14.03	15.62	11.42	10.74	6.91
A33	15.91	20.91	12.50	14.03	20.62	11.42	15.74	6.91
Simulado	10		5		5		5	
	HMBC ²	DP	HMBC ²	DP	HMBC ²	DP	HMBC ²	DP
A13	7.56	6.48	8.10	5.03	17.11	5.43	2.61	9.23
A23	8.49	8.04	0.90	11.09	11.39	3.93	-1.33	11.82
A33	63.49	8.04	35.90	11.09	46.39	3.93	33.67	11.82
Simulado	55		35		35		35	

²HMNA; HMNB; HMNC; MAB; HMAC; HMBC = Proporção das heteroses esperadas; A11; A12; A13; A21; A22; A23; A31; A32; A33 = referente as análises realizadas combinando as simulações realizadas (1, 2, 3) e os modelos utilizados na 1ª. Etapa (1, 2, 3).

Tabela 2. Composições Raciais agrupadas nos Clusters 2, 3, 4, 5 e 6.

Cluster 2 – Composição racial					Cluster 3 – Composição racial					Cluster 4 – Composição racial				
Freq.	PN	PA	PB	PC	Freq.	PN	PA	PB	PC	Freq.	PN	PA	PB	PC
20	0	0	0,5	0,5	30	0	0,5	0,4	0,1	2	0	0	0,6	0,4
7	0,3	0,1	0,5	0,1	10	0	0,8	0,2	0	41	0	0	0,9	0,1
12	0,4	0	0,4	0,2	14	0,1	0,3	0,5	0,1	241	0	0	1	0
12	0,4	0	0,6	0	18	0,1	0,5	0,3	0,1	7	0	0,1	0,7	0,2
5	0,4	0,1	0,4	0,1	21	0,1	0,6	0,2	0,1	3	0	0,1	0,9	0
128	0,4	0,2	0,4	0	52	0,1	0,7	0,1	0,1	11	0	0,2	0,7	0,1
3219	0,5	0	0	0,5	31	0,1	0,7	0,1	0,1	19	0	0,3	0,6	0,1
1996	0,5	0	0,3	0,2	103	0,1	0,8	0	0,1	47	0	0,3	0,6	0,1
13959	0,5	0	0,5	0	98	0,1	0,8	0,1	0	7	0	0,3	0,6	0,1
106	0,5	0	0,5	0	5	0,1	0,8	0,1	0	40	0	0,3	0,7	0
15	0,5	0,1	0,4	0	32	0,1	0,9	0	0	8	0	0,4	0,6	0
58	0,5	0,2	0,3	0	43	0,2	0,3	0,2	0,3	21	0	1	0	0
1	0,5	0,3	0,1	0,1	29	0,2	0,4	0,3	0,1	1	0,1	0	0,6	0,3
19	0,7	0,1	0,2	0	192	0,2	0,5	0,2	0,1	24	0,1	0,3	0,5	0,1
127	0,8	0	0	0,2	360	0,2	0,5	0,2	0,1	63	0,1	0,3	0,6	0,1
164	0,8	0	0,2	0	188	0,2	0,5	0,3	0	5	0,2	0,2	0,5	0,1
20	0,8	0,2	0	0	2	0,2	0,5	0,3	0					
46	0,9	0,1	0	0	39	0,2	0,7	0	0,1					
528	1	0	0	0	738	0,2	0,7	0	0,1					
					4	0,2	0,7	0	0,1					
					1359	0,2	0,7	0,1	0					
					74	0,2	0,8	0	0					
					26	0,3	0,4	0	0,3					
					11	0,3	0,5	0,1	0,1					
					80	0,3	0,6	0,1	0					
					7	0,3	0,6	0,1	0					
					350	0,3	0,7	0	0					
					41	0,5	0,3	0,1	0,1					
					212	0,7	0,1	0,1	0,1					
Média	0,5	0	0,4	0,1		0,2	0,6	0,1	0,1		0	0,2	0,8	0