

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CAMPUS DE JABOTICABAL

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CRESCIMENTO E
RESISTÊNCIA A VERMINOSES EM OVINOS SANTA
INÊS UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO
ALEATÓRIA E ANÁLISES MULTIVARIADAS**

Luara Afonso de Freitas
Zootecnista

2018

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CRESCIMENTO E
RESISTÊNCIA A VERMINOSES EM OVINOS SANTA
INÊS UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO
ALEATÓRIA E ANÁLISES MULTIVARIADAS**

Luara Afonso de Freitas

Orientador: Dr. Danísio Prado Munari

Coorientadores: Dra. Claudia Cristina Paro de Paz

Dr. Rodrigo Pelicioni Savegnago

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

F862a Avaliação genética de crescimento e resistência a verminoses em ovinos Santa Inês utilizando modelos de regressão aleatória e análises multivariadas/ Luara Afonso de Freitas – Jaboticabal, 2018
xii, 77 p. : il. ; 29 cm

Orientador: Danísio Prado Munari

1. AIREML. 2. Componentes principais. 3. ovinos deslançados. 4. *Ovis aries*. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

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



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

Câmpus de Jaboticabal



CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CRESCIMENTO E RESISTÊNCIA A VERMINOSES EM OVINOS SANTA INÊS UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA E ANÁLISES MULTIVARIADAS

AUTORA: LUARA AFONSO DE FREITAS

ORIENTADOR: DANISIO PRADO MUNARI

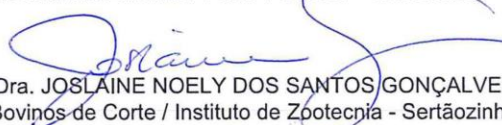
COORDINADORA: CLAUDIA CRISTINA PARO DE PAZ

COORDINADOR: RODRIGO PELICIONI SAVEGNAGO

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL, pela Comissão Examinadora:



Prof. Dr. DANISIO PRADO MUNARI
Departamento de Ciências Exatas / FCAV / UNESP - Jaboticabal



Pesquisadora Dra. JOSLAINE NOELY DOS SANTOS GONÇALVES CYRILLO
Centro APTA Bovinos de Corte / Instituto de Zootecnia - Sertãozinho/SP



Pós-doutorando GERARDO ALVES FERNANDES JÚNIOR
Departamento de Zootecnia / FCAV / UNESP - Jaboticabal

Jaboticabal, 21 de fevereiro de 2018

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

LUARA AFONSO DE FREITAS – Filha de Carlos Alberto de Paula Freitas e Valéria de Souza Afonso Freitas, nasceu em Ribeirão Preto - SP, no dia 3 de março de 1993. Iniciou o curso de Zootecnia em março de 2011, na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP - Campus de Jaboticabal. Durante o ano de 2013, foi bolsista de Iniciação Científica de Aperfeiçoamento de Estágio de Pesquisa de Nivel Superior e nos anos de 2014 e 2015 foi bolsista de Iniciação Científica da Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), ambas na mesma instituição de ensino, sob orientação do Prof. Dr. Danísio Prado Munari. Em março de 2016, iniciou o Curso de Mestrado do Programa de Genética e Melhoramento Animal na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP - campus de Jaboticabal, sob orientação do Prof. Dr. Danísio Prado Munari e coorientações da Dra. Claudia Cristina Paro de Paz e do Dr. Rodrigo Pelicioni Savegnago. Foi bolsista de Aperfeiçoamento de Estágio de Pesquisa de Nivel Superior e posteriormente FAPESP. No período de agosto a outubro de 2017 realizou estagio de pesquisa de Mestrado no exterior no Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria e Alimentaria (INIA), Madrid, Espanha, sob a supervisão da Dra. María Jesús Carabaño Luengo e Dra. Magdalena Serrano Noreña.

“Quando uma mente se abre a uma nova ideia, jamais volta ao seu tamanho original.” (Albert Einstein)

Dedico

A Deus,

Aos meus Pais Valéria e Carlos,

Ao meu amado Marcelo Guimarães,

Razão de tudo.

AGRADECIMENTOS

A **Deus** pelo dom da vida. Tudo que conquistei foi por ti meu Deus. Eu te agradeço por tudo. Te amo Deus.

Aos meus **pais**, pelo apoio, incentivo, carinho e amor. Agradeço imensamente a oportunidade de estudar. Amo vocês.

Ao meu amado **Marcelo Guimarães**, pela paciência, apoio, companheirismo, compreensão, amor e carinho. Agradeço também a sua família, em especial minha querida sogra, **Maria Celina**, que sempre acreditou em mim e me incentivou em toda caminhada. Amo vocês.

Ao meu orientador **Dr. Danísio Prado Munari**, por todos os ensinamentos, apoio, conselhos e atenção. Sua contribuição para minha formação profissional e pessoal é imensurável.

A minha coorientadora **Dra. Claudia Cristina Paro de Paz**, pelos ensinamentos, incentivo e por toda a ajuda na elaboração deste trabalho. Agradeço também a confiança depositada ao ceder os dados para a realização deste trabalho, sou muito grata.

Ao meu coorientador e amigo, **Dr. Rodrigo Pelicioni Savegango**, por todos os ensinamentos, paciência e principalmente por sempre acreditar no meu trabalho e me incentivar. Obrigada por tudo.

À **Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP)** pela concessão da bolsa de estudos de Mestrado (Processo 2016/10583-1) e pela bolsa de Estágio de Pesquisa no Exterior – BEPE (Processo 2017/13320-4). Esta última permitiu que eu realizasse o Mestrado Sanduíche no período de Agosto a Outubro de 2017 no Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria e Alimentaria (INIA), Madrid, Espanha.

As pesquisadoras **Dra. María Jesús Carabaño Luengo** e **Dra. Magdalena Serrano** do Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria e Alimentaria (INIA), Madrid, Espanha, pela oportunidade incrível de estagio no exterior que elas me proporcionaram e tudo que aprendi neste período, foi uma experiência maravilhosa.

Ao **Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal** da Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Campus de Jaboticabal.

Aos **membros da Banca do Exame Geral de Qualificação** Prof. Dr. Salvador Boccaletti Ramos e Dra. Elisandra Lurdes Kern. Obrigada por suas sugestões, conselhos e pela atenção que vocês tiveram comigo.

Aos **membros da Banca Examinadora de Mestrado** Prof. Dra. Joslaine Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo e Dr. Gerardo Alves Fernandes Junior. Obrigada pela disponibilidade e todas as sugestões e correções.

As minhas amigas: Stephani, Ryalva, Jaque e Ligia, sou muito grata a Deus por ter vocês em minha vida, todo o apoio e palavras de conforto que vocês sempre me disseram me motivaram ainda mais a chegar aos meus objetivos. Muito obrigada. Amo vocês.

Aos meus queridos **companheiros do Departamento de Ciências Exatas**, com quem tive o prazer de compartilhar boas conversas e risadas. Meus dias de estágio foram muito mais leves, divertidos e produtivos na companhia de vocês.

A todos os **professores** que se dedicaram ao meu ensinamento e compartilharam muito de seus conhecimentos.

Aos **funcionários da FCAV** sempre dispostos e prontos a me ajudar.

À **UNESP, Campus de Jaboticabal**, pela excelente formação pessoal e profissional

que me foi concebida e por todos os momentos inesquecíveis desfrutados neste Campus.

A **todos** que, de alguma maneira, contribuíram para que eu chegasse até aqui, meus sinceros agradecimentos.

SUMÁRIO

	Página
AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CRESCIMENTO E RESISTÊNCIA A VERMINOSES EM OVINOS SANTA INÊS UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA E ANÁLISES MULTIVARIADAS.....	iv
RESUMO.....	iv
GENETIC EVALUATION OF GROWTH AND RESISTANCE TO GASTROINTESTINAL NEMATODE PARASITES IN SANTA INES SHEEP USING RANDOM REGRESSION MODELS AND MULTIVARIATE ANALYZES.....	vi
ABSTRACT.....	vi
LISTA DE TABELAS.....	viii
LISTA DE FIGURAS.....	x
CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS	1
INTRODUÇÃO	1
OBJETIVOS	3
REVISÃO DE LITERATURA	3
1. Panorama da ovinocultura de corte brasileira e a Raça Santa Inês.....	3
2. Volume globular e Contagem de ovos por grama de fezes.....	5
3. Peso corporal.....	6
4. Estrutura populacional.....	7
5. Medidas repetidas e Modelos de Regressão Aleatória.....	9
6. Análises Multivariadas.....	11
REFERÊNCIAS.....	13
CAPÍTULO 2 - ANÁLISE DE PEDIGREE E DEPRESSÃO ENDOGÂMICA PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E RESISTÊNCIA A VERMINOSE EM OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS.....	24

RESUMO	24
INTRODUÇÃO.....	25
MATERIAL E MÉTODOS.....	25
1. Descrição dos dados.....	25
2. Integridade do pedigree.....	26
3. Coeficiente de endogamia.....	27
4. Coeficiente de Parentesco Médio (AR).....	27
5. Tamanho Efetivo da população (N_e).....	27
6. Tamanho Efetivo Relativo da população (N_e/N).....	28
7. Depressão Endogâmica.....	28
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	28
CONCLUSÃO.....	33
REFERÊNCIAS.....	34

CAPÍTULO 3 - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS PARA PESO CORPORAL E CARACTERÍSTICAS DE RESISTÊNCIA A VERMINOSE EM OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA..... 36

RESUMO.....	36
INTRODUÇÃO	37
MATERIAL E MÉTODOS.....	38
1. Caracterização dos dados e das características.....	38
2. Análises estatísticas.....	39
3. Seleção do melhor modelo para estimação de parâmetros genéticos e ambientais.....	41
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	43
1. Escolha do melhor modelo e estimação de parâmetros genéticos.....	43
CONCLUSÃO	55
REFERÊNCIAS	56
APÊNDICES.....	62

CAPÍTULO 4 – ANÁLISES MULTIVARIADAS PARA PESO CORPORAL E CARACTERÍSTICAS DE RESISTÊNCIA A VERMINOSE EM OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS	64
RESUMO.....	64
INTRODUÇÃO.....	65
MATERIAL E MÉTODOS	66
1. Descrição dos dados.....	66
2. Análises multivariadas.....	67
2.1 Análise de componentes principais.....	67
2. 2 Análise de agrupamento hierárquico e não-hierárquico.....	68
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	69
1. Análise de componentes principais.....	69
2. Análise de agrupamento hierárquico e não-hierárquico.....	71
CONCLUSÃO	76
REFERÊNCIAS	77

AVALIAÇÃO GENÉTICA DO CRESCIMENTO E RESISTÊNCIA A VERMINOSES EM OVINOS SANTA INÊS UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA E ANÁLISES MULTIVARIADAS

RESUMO - O uso de raças ou animais resistentes aos endoparasitas dentro do sistema de produção de ovinos de carne é uma das alternativas mais eficientes para se obter maior produção. O controle dos acasalamentos entre animais aparentados é de grande importância para reduzir perdas na produção pelo aumento da homozigose de alelos deletérios. O peso corporal é uma das características de maior importância econômica em ovinos e pode ser registrado ao longo da vida de um mesmo animal. Os modelos de regressão aleatória na avaliação genética de medidas longitudinais são geralmente recomendados para estimar parâmetros genéticos de dados longitudinais. As análises multivariadas são um conjunto de métodos estatísticos que torna possível a análise simultânea de medidas múltiplas para cada indivíduo ou fenômeno observado. Este trabalho teve como objetivos: (1) analisar a estrutura populacional e verificar o efeito da endogamia sobre características fenotípicas de crescimento e resistência a verminose, (2) comparar estruturas (homogeneidade e heterogeneidade de variâncias) para modelar a variância residual em modelos de regressão aleatória, (3) avaliar a influência desta modelagem na estimação de parâmetros genéticos a fim de determinar o modelo mais apropriado para estudar o crescimento e a resistência à verminose e (4) avaliar a associação genética e explorar o perfil genético da produção de carne e resistência à verminose em ovinos da raça Santa Inês. O banco de dados fenotípico conteve 2.159 registros de peso corporal oriundos de 753 animais, 1.468 registros de volume globular provenientes de 476 animais e 981 registros de contagem de ovos por grama de fezes oriundos de 375 animais entre 30 a 900 dias de idade medidos mensalmente e registros de pedigree de 2.410 animais da raça Santa Inês. Os animais foram divididos em 10 classes de idade (CI90 = 30 a 90 dias de idade, CI180= 91 a 180 dias de idade, CI270= 181 a 270 dias de idade, CI360= 271 a 360 dias de idade, CI450= 361 a 450 dias de idade, CI540= 451 a 540 dias de idade, CI630= 541 a 630 dias de idade, CI720= 631 a 720 dias de idade, CI810= 721 a 810 dias de idade, CI900= 811 a 900 dias de idade). A estrutura do pedigree foi analisada utilizando o programa Endog 4.8. As análises de estimação dos componentes de variância foram realizadas por meio de modelo animal unicaracterística de regressão aleatória pelo método de máxima verossimilhança restrita utilizando polinômios de Legendre. O critério da informação bayesiana foi utilizado para selecionar o melhor modelo. A análise de componentes principais foi realizado no software STATISTIC e a análise de agrupamento hierárquico e não hierárquico no software R. Foi observado aumento no coeficiente de endogamia até a 6ª geração máxima, aumento do parentesco médio e da porcentagem de animais endogâmicos até a 7ª geração máxima. O polinômio de Legendre de ordem 3 (intercepto, linear e quadrático) proporcionou o melhor ajuste dos dados para peso corporal, volume globular e contagem de ovos por grama de fezes. A seleção dos animais poderia ser feita com base no peso corporal a partir de 271 dias de idade, pois a estimativa de herdabilidade foi de 0,23 (0,03) e foram altas as correlações genéticas do peso corporal nesta idade com a maioria dos pesos corporais nas

demais idades, exceto com peso corporal medida entre 30 a 90 dias de idade. A seleção destes animais para resistência a verminose se realizada poderá ser pouco eficiente devido às baixas estimativas de herdabilidade para volume globular ($0,09 \pm 0,01$ a $0,18 \pm 0,02$) e contagem de ovos por grama de fezes ($0,01 \pm 0,02$ a $0,17 \pm 0,03$), portanto, o ganho genético será a longo prazo. A seleção para peso corporal poderia trazer ganhos genético favoráveis para a característica volume globular devido à proximidade das características no eixo do componente principal um. Nas análises de agrupamento apenas um dos três grupos genéticos identificados apresentou perfil genético indicado para a seleção para peso corporal e volume globular.

Palavras-chaves: AIREML, componentes principais, ovinos deslanados, *Ovis aries*

GENETIC EVALUATION OF GROWTH AND RESISTANCE TO GASTROINTESTINAL NEMATODE PARASITES IN SANTA INES SHEEP USING RANDOM REGRESSION MODELS AND MULTIVARIATE ANALYZES

ABSTRACT - The use of resistant animals to gastrointestinal nematode parasites within the meat production system is one of the most efficient alternatives to increase meat yield in sheep. The control of mating between related animals is of great importance to reduce losses in meat production by increasing the homozygosity of deleterious alleles. Application of Random regression models in the genetic evaluation of longitudinal measurements is generally recommended to adjust growth curves and to estimate genetic parameters of longitudinal data. The multivariate analyzes are a set of statistical methods that make possible the simultaneous analysis of multiple measures for each individual or observed phenomena. The aims of this study were: (1) to analyze the population structure and verify the effect of inbreeding on phenotypic traits of growth and resistance to gastrointestinal nematode parasites, (2) to compare structures (homogeneity and heterogeneity of variances) to model residual variance in random regression models, (3) to study the influence of this modeling in the estimation of genetic parameters in order to determine the most appropriate model to study the growth and resistance to gastrointestinal nematode parasites curves, and (4) evaluate the genetic association and explore the genetic profile of meat production and resistance to gastrointestinal nematode parasites in Santa Inês sheep. The data contained 2,159 body weight records from 753 animals, 1,468 mean corpuscular volume records from 476 animals and 981 records of fecal egg counts from 375 animals and pedigree information from 2,410 in Santa Inês sheep. The animals were divided into 10 age classes (CI90 = 30 to 90 days of age, CI180 = 91 to 180 days of age, CI270 = 181 to 270 days of age, CI360 = 271 to 360 days of age, CI450 = 361 to 450, CI540 = 451 to 540 days of age, CI630 = 541 to 630 days of age, CI720 = 631 to 720 days of age, CI810 = 721 to 810 days of age, CI900 = 811 to 900 days of age). The structure of the pedigree was analyzed using the program Endog 4.8. Analyzes of the variance component estimates were performed using a one-trait model of random regression using the restricted maximum likelihood method. The Bayesian information criterion was used to select the best model. The principal component analysis was performed in STATISTIC software and hierarchical and non-hierarchical analysis grouping was performed in the software R. There was an increase in the inbreeding coefficient up to the 6th maximum generation and also an increase in the average relatedness and in the percentage of inbred animals up to the 7th maximum generation. Genetic correlation estimates for all traits in the age classes presented values close to the unit at close weighings, with a reduction in the magnitude of the correlations as the time interval between weighings increased. The Legendre polynomial of order 3 (intercept, linear and quadratic) provided the best fit of the data for body weight, mean corpuscular volume, and fecal egg counts. The selection of the animals could be made based on body weight from 271 days of age, as the heritability estimate was moderate, 0.23 (0.03), and showed high genetic correlations with most body weights, except with body weight from 30 to 90 days of age. Selection of these animals for resistance to gastrointestinal nematode parasites if carried out may result in low efficiency due to

the low estimates of heritability for the mean corpuscular volume (0.09 ± 0.01 to 0.18 ± 0.02) and fecal egg counts (0.01 ± 0.02 to 0.17 ± 0.03), therefore, the genetic gain will be low and in the long term. The selection of body weight could bring favorable genetic gains to the mean corpuscular volume due to the proximity of the traits in the axis of the main component one. In cluster analysis, only one of the three genetic groups identified has a genetic profile indicated for selection for the studied traits.

Keywords: AIREML, hair sheep, principal components, *Ovis aries*

LISTA DE TABELAS

Tabela

Página

CAPÍTULO 2. ANÁLISE DE PEDIGREE E DEPRESSÃO ENDOGÂMICA PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E RESISTÊNCIA A VERMINOSE EM OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS

1	Descrição da estrutura do arquivo de pedigree.....	26
2	Número de observações (N), Médias ($\bar{x}$), desvios-padrão (S), Mínimo (Min) e Máximo (Max) para peso corporal (PC), volume globular (VG) e contagem de ovos por grama de fezes (OPG) para ovinos da raça Santa Inês.....	26
3	Número de animais por geração (N), coeficiente médio de endogamia (F), porcentagem de animais endogâmicos (Endog %), coeficiente de endogamia médio para os animais endogâmicos (EA), parentesco médio (AR), tamanho efetivo da população (N_e) e tamanho efetivo relativo por geração máxima (N_e/N)	31

CAPÍTULO 3 - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS PARA PESO CORPORAL E CARACTERÍSTICAS DE RESISTÊNCIA A VERMINOSE EM OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

1	Descrição da estrutura do arquivo de dados e do pedigree.....	40
2	Classes de idade (CI), médias ($\bar{x}$), desvios-padrão (S) de peso corporal (PC), volume globular (VG) e contagem de ovos por grama de fezes (OPG) nas diferentes classes de idade para ovinos da raça Santa Inês.....	40
3	Modelos, ordens do polinômio para efeitos genéticos aditivo direto (k_a), de ambiente permanente do animal (k_p), classes de resíduo (ϵ), número de parâmetros (nP) e critério de informação de bayesiana (BIC) para os modelos considerados para peso corporal	44

4	Modelos, ordens do polinômio para efeitos genéticos aditivo direto (k_a), de ambiente permanente do animal (k_p), classes de resíduo (ϵ), número de parâmetros (nP) e critério de informação bayesiana (BIC) para os modelos considerados para volume globular.....	45
5	Modelos, ordens do polinômio para efeitos genéticos aditivo direto (k_a), de ambiente permanente do animal (k_p), classes de resíduo (ϵ), número de parâmetros (nP) e critério de informação bayesiana (BIC) para os modelos considerados para contagem de ovos por grama de fezes.....	45
6	Estimativas de herdabilidade na diagonal, correlações genéticas acima da diagonal e correlações ambientais abaixo da diagonal para peso corporal (PC) em ovinos Santa Inês por classe de idade (CI).....	50
7	Estimativas de herdabilidade na diagonal, correlações genéticas acima da diagonal e correlações ambientais abaixo da diagonal para volume globular (VG) em ovinos Santa Inês por classe de idade (CI)..	51
8	Estimativas dos componentes de variância, coeficientes de herdabilidade e repetibilidade para volume globular (VG) com seus respectivos erros-padrão, analisados como medidas repetidas do animal.....	52
9	Estimativas de herdabilidade na diagonal, correlações genéticas acima da diagonal e correlações ambientais abaixo da diagonal para contagem de ovos por grama de fezes (OPG) em ovinos Santa Inês por classe de idade (CI).....	53
10	Estimativas dos componentes de variância, coeficientes de herdabilidade e repetibilidade para contagem de ovos por grama de fezes (OPG) com seus respectivos erros-padrão, analisados como medidas repetidas do animal.....	54

CAPÍTULO 4 – ANÁLISES MULTIVARIADAS PARA PESO CORPORAL E CARACTERÍSTICAS DE RESISTÊNCIA A VERMINOSE EM OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS

1	Correlação linear das variáveis em cada componente principal.....	70
---	---	----

LISTA DE FIGURAS

Figura		Página
--------	--	--------

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

1	Exemplar fêmea e macho da raça Santa Inês.....	5
---	--	---

CAPÍTULO 2. ANÁLISE DE PEDIGREE E DEPRESSÃO ENDOGÂMICA PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E RESISTÊNCIA A VERMINOSE EM OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS

1	Estrutura do pedigree da raça Santa Inês com percentual de pais, avós e bisavós conhecidos.....	29
2	Coeficiente de endogamia médio (F) por gerações máximas.....	30
3	Variação dos valores fenotípicos de peso corporal (PC) em relação ao coeficiente de endogamia (a) e a classes de coeficiente de endogamia (b) em uma população de ovinos da raça Santa Inês.....	32
4	Variação dos valores fenotípicos de volume globular (VG) em relação ao coeficiente de endogamia (a) e a classes de coeficiente de endogamia (b) em uma população de ovinos da raça Santa Inês.....	32
5	Variação dos valores fenotípicos de contagem de ovos por grama de fezes (OPG) em relação ao coeficiente de endogamia (a) e a classes de coeficiente de endogamia (b) em uma	

população de ovinos da raça Santa Inês.....	33
---	----

CAPÍTULO 3 - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PESO CORPORAL E CARACTERÍSTICAS DE RESISTÊNCIA A VERMINOSE EM OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

1 Estimativas de herdabilidade aditiva direta (h^2) e variância de ambiente permanente do animal como proporção da variância fenotípica total (c^2) para peso corporal (PC), volume globular (VG) e contagem de ovos por grama de fezes (OPG).....	47
--	----

APÊNDICE

1 Variação do número de observações (barras) e média das características estudadas (PC, VG e OPG) (linha) por classe de idade (a, c, e) e variação do desvio-padrão (barra) e coeficiente de variação (linha) das características estudadas (PC, VG e OPG) por classe de idade (b, d, f).....	60
2 Histogramas da característica contagem de ovos por grama de fezes (OPG) sem (a) e com transformações: Transformação de raiz quadrada (b), Transformação de raiz cubica (c), Transformação Log (OPG + 1) (d) e Transformação Box Cox (e).....	61
3 Variação por idade dos componentes de variância genética aditiva direta (a), fenotípica (p), de ambiente permanente do animal (ap) e residual (e), obtidas por meio do modelo de regressão aleatória.....	62
4 Dispersão de contagem de ovos por grama de fezes (OPG) por idade e por classe de idade em ovinos Santa Inês.....	63

CAPÍTULO 4 – ANÁLISES MULTIVARIADAS PARA PESO CORPORAL E CARACTERÍSTICAS DE RESISTÊNCIA A VERMINOSE EM OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS

- 1 Relação do componente principal um (CP1) com o dois (CP2) para os valores genéticos para peso corporal (VGPC1 a VGPC10), volume globular (VGVG1 a VGVG10) e contagem de ovos por grama de fezes (VGOPG1 a VGOPG10)..... 69
- 2 Dendrograma baseado nos valores genéticos para as características PC, VG e OPG em dez classes de idade, obtidos pela análise de agrupamento hierárquica pelo método de Ward com dois (a), três (b) e quatro (c) grupos..... 72
- 3 Análise de agrupamento não-hierárquico com (a) dois grupos; (b) três grupos e (c) quatro grupos, por classe de idade, sendo da 1 a 10 classe de idade para a peso corporal (PC), da 11 a 20 classe de idade para volume globular (VG) e da 21 para a 30 classe de idade para contagem de ovos por grama de fezes (OPG) para todos os agrupamentos..... 74

CAPÍTULO 1 - CONSIDERAÇÕES GERAIS

INTRODUÇÃO

O principal objetivo dos programas de melhoramento genético de ovinos de corte é aumentar a quantidade de carne produzida. Atualmente, a ovinocultura apresenta um quadro de expansão de produção devido ao aumento do consumo da carne ovina. No entanto, a produção de carne de ovinos é insuficiente para atender a demanda, devido ao baixo investimento em melhoria do potencial genético, práticas de manejo, alimentação e sanidade (ALBUQUERQUE e OLIVEIRA, 2015).

Além de características relacionadas à produção, a seleção também deve incluir características de resistência e resiliência aos endoparasitas, pois os ovinos possuem grande susceptibilidade a infecções causadas por endoparasitas, o que limita o aproveitamento econômico destes animais. Desta forma, torna-se importante entender as classificações quanto à susceptibilidade, resistência e resiliência destes animais aos endoparasitas. Animais susceptíveis são aqueles que permitem a permanência dos parasitas (acima de 10.000 ovos/ grama de fezes) e apresentam prejuízo na sua produção. Animais resilientes são aqueles capazes de resistir à infecção por endoparasitas, mesmo em estado anêmico, impedindo que a mesma afete sua produção (entre 1.000 e 10.000 ovos/ grama de fezes). Animais resistentes são aqueles capazes de diminuir o estabelecimento da infecção (inferior a 1.000 ovos/grama de fezes) (ALBERS et al., 1987; AMARANTE et al., 2004).

Jardim (1974) apontou prejuízos na ovinocultura causados pelas verminoses conforme sua intensidade, tais como: crescimento retardado, baixas produções de lã, carne e leite, baixa eficiência reprodutiva e alimentar, reduzida resistência a enfermidades e elevado índice de mortalidade, principalmente entre animais jovens. O *Haemonchus contortus* é o principal causador de verminoses em ovinos, pois é beneficiado pelas condições climáticas das regiões quentes e úmidas, demonstrando alta patogenicidade (capacidade de causar lesões no hospedeiro) e alta prolificidade. A fêmea deste parasita pode liberar até 5.000 ovos por dia, contaminando as pastagens (CARVALHO et al., 2001).

Estudo de Katiki et al. (2007) sugeriu como alternativa de controle de endoparasitas, explorar a resistência genética que algumas raças apresentam ao não permitirem que o parasita se fixe em sua mucosa intestinal, impedindo-o de completar o seu ciclo parasitário. Os ovinos adquirem e expressam imunidade contra endoparasitas gastrintestinais, mas esta habilidade apresenta elevada variabilidade entre raças e entre indivíduos da mesma raça (STEAR e MURRAY, 1994), sendo considerada característica de grande potencial para o melhoramento genético.

O uso de raças ou animais resistentes ou resilientes aos endoparasitas gastrintestinais dentro do sistema de produção é uma das alternativas mais eficientes para reduzir a perda de produção de carne ovina. Rebanhos com estas características toleram melhor os efeitos das infecções helmínticas e promovem menor contaminação nas pastagens, reduzindo o número de vermifugações, retardando assim, a resistência anti-helmíntica.

Em programas de melhoramento genético, com o passar dos anos a estrutura populacional inicial apresenta alterações na frequência alélica. A existência de uma estrutura piramidal, com fluxo gênico preponderantemente unidirecional, favorece a diminuição das diferenças entre estratos. Após as alterações estruturais, ocorrem reduções da diversidade genética e do número de linhagens e de fundadores (FARIA et al., 2002). Assim, o conhecimento dos parâmetros populacionais deve servir como elemento norteador de ações futuras nos programas de melhoramento genético (MALHADO et al., 2008a).

Os modelos de regressão aleatória têm sido recomendados para a análise de características longitudinais no melhoramento animal. Esses modelos obtêm estruturas de variâncias e covariâncias entre as diferentes medidas, por meio de funções de covariâncias para os efeitos aleatórios de interesse (ALBUQUERQUE, 2003) e permitem a modelagem da variância residual sob diferentes estruturas (homogeneidade e heterogeneidade de variâncias). Além disso, os modelos de regressão aleatória permitem estimar parâmetros genéticos da população para as características de interesse econômico, como a produção de carne e resistência a verminoses. Por meio da interpretação destes parâmetros, é possível estabelecer qual a melhor estratégia de seleção dos animais.

Técnicas multivariadas de análise de dados são ferramentas

estatísticas que permitem acessar informações, explorar padrões e simplificar a estrutura de conjuntos de dados. Dentre as várias técnicas multivariadas, algumas podem ter aplicações na análise de conjuntos de dados aplicados ao melhoramento genético animal, tais como análise de agrupamento, de componentes principais, análise de fatores e análise discriminante. Contudo, ainda é escasso o uso de análises multivariadas no Brasil para características de resistência a verminose, o que enfatiza a necessidade de mais estudos a seu respeito (SAVEGNAGO, 2013).

OBJETIVOS

Os objetivos deste trabalho foram: (1) analisar a estrutura populacional e verificar o efeito da endogamia sobre características de crescimento e resistência a verminose, (2) comparar estruturas (homogeneidade e heterogeneidade de variâncias) para modelar a variância residual em modelos de regressão aleatória, (3) determinar o modelo mais apropriado para estudar o crescimento e a resistência à verminose e (4) avaliar a associação genética entre características de resistência à verminose e peso corporal por meio de análise de componentes principais e explorar o perfil genético dos animais para a produção de carne e resistência a verminose por meio de análise de agrupamento, visando identificar os animais mais indicados para atender os objetivos de seleção de um programa de melhoramento genético de ovinos da raça Santa Inês.

REVISÃO DE LITERATURA

1. Panorama da ovinocultura de corte brasileira e a raça Santa Inês

O Brasil possui o 18º maior rebanho de ovinos do mundo (MARTINS et al., 2016). A ovinocultura nacional possui notável crescimento, tanto em número de animais quanto em importância econômica. Segundo o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE, 2012), o efetivo de ovinos registrou 17,6 milhões de cabeças com aumento de 1,6% em relação ao mesmo período de 2010, ressaltando a participação expressiva e em constante

expansão desta atividade dentro do agronegócio brasileiro. Magalhães et al. (2016) relataram que a ovinocultura no Brasil possui potencial para tornar os produtos nacionais mais competitivos no mercado externo diante de desafios tais como a estagnação da produção de carne em um cenário econômico incerto. Além disso, as melhorias no aspecto sanitário são importantes, dado que a condição sanitária está relacionada às perdas na produção de carne ovina.

O sucesso de qualquer sistema de produção tem início no planejamento da criação e é importante ressaltar, dentro deste planejamento, a realização de avaliações genéticas para posterior seleção nas raças brasileiras, pois ovinos geneticamente melhorados em condições brasileiras possuem maiores chances de aumentar seu desempenho produtivo por serem selecionados no ambiente em que serão criados, diminuindo o efeito de interação genótipo-ambiente.

A raça Santa Inês (Figura 1) é uma raça de grande interesse e importância econômica, devido a sua tolerância às condições climáticas elevadas e resistência aos endoparasitas, sendo a raça mais utilizada para a obtenção de animais cruzados em sistemas de produção de carne ovina. Esta raça teve origem a partir do cruzamento da raça italiana Bergamácia com ovelhas crioulas Morada Nova, após um período de seleção para a ausência de lã (SOUSA et al., 1999).

Os animais da raça Santa Inês são animais deslanado, com pelos curtos e sedosos, de grande porte com média de peso para macho de 80 a 120 Kg e para as fêmeas de 60 a 90 Kg, apresentam excelente qualidade de carne e baixo teor de gordura. A raça Santa Inês é considerada rústica, precoce, adaptável a qualquer sistema de criação e as mais diversas regiões do país e as fêmeas são prolíferas e com boa habilidade materna.

(a)



(b)



Figura1. Exemplar fêmea (a) e macho (b) da raça Santa Inês.

Alguns pesquisadores estudaram a resistência da raça Santa Inês aos endoparasitas e encontraram grande potencial para essa característica nessa raça. Amarante et al. (2004), em estudos nas raças Santa Inês e Suffolk criadas nas mesmas condições de manejo e em idades semelhantes (entre 12-14 meses), 70% dos ovinos Santa Inês foram resistentes às infecções e cerca de 80% dos ovinos Suffolk se mostraram susceptíveis, demonstrando a superioridade da raça Santa Inês para resistência a endoparasitas. Rocha et al. (2004) observaram maior susceptibilidade de ovelhas Ile de France no periparto, período que compreende o último mês de prenhez e até cinco meses após o parto, em comparação com ovelhas Santa Inês. Mexia et al. (2011) realizaram estudos sobre susceptibilidade a nematóides de ovelhas Santa Inês, Bergamacia e Texel e relataram que ovelhas Santa Inês foram menos susceptíveis a nematóides comparadas às ovelhas das raças Texel e Bergamacia.

2. Volume globular e Contagem de ovos por grama de fezes

Os métodos utilizados para o controle de verminose no rebanho e que permitem a identificação dos animais resistentes são: contagem de ovos por grama de fezes (OPG) e volume globular (VG). Segundo Pollot et al. (2004), o indicador mais utilizado é a contagem de ovos por grama de fezes (OPG). Animais resistentes possuem quantidade de ovos nas fezes nula ou bem próxima de zero. Estimativas de herdabilidade encontradas na literatura para

OPG variaram de 0,00 à 0,70 (BISHOP et al., 2004; POLLOT et al., 2004; VANIMISSETTI et al., 2004; LOBO et al., 2009), indicando que ganhos genéticos podem ser alcançados para característica de resistência à verminose em um programa de seleção considerando a estimativa de herdabilidade 0,70. Contudo, a grande dificuldade neste método é não existir um limite estabelecido para indicar a necessidade de vermifugação dos animais. Os autores Woolaston e Piper (1996) encontraram estimativas de correlações genéticas entre volume globular e contagem de ovos por grama de fezes de 0,48. Nieuwoudta et al. (2002), trabalhando com ovinos da raça Merino na África, encontraram estimativas de herdabilidade para contagem de ovos por grama de fezes de 0,24 (0,02) e para volume globular de 0,14 (0,02). Os autores também estimaram de correlação genética entre volume globular e contagem de ovos por grama de fezes de 0,84 (0,06).

A identificação de animais não susceptíveis a endoparasitas pode ser realizada pelo método do volume globular (VG), pois, segundo Woolaston e Piper (1996), as medidas de VG são altamente correlacionadas com a resistência à verminose. Este parâmetro permite detectar a anemia causada pela verminose causada pelo *Haemonchus contortus*, devido ao seu hábito alimentar hematófago. Whitlock et al. (1958) indicaram a classificação dos animais por meio do VG: animais que apresentam VG inferior à 20 % são considerados susceptíveis e animais com VG igual ou superior à 20% são considerados resistentes. Neste método também não há a classificação de animais resilientes, sendo um fator de limitação quanto à classificação dos animais no rebanho e também de incentivo para maiores estudos a respeito.

3. Peso Corporal

A determinação do peso corporal tem grande importância na avaliação do crescimento e estado clínico dos animais, auxiliando na escolha de adequado manejo nutricional, reprodutivo e sanitário para o ajuste de dietas, assim como na definição de doses na aplicação de medicamentos (REIS et al., 2008; KUNENE et al., 2009). O peso corporal é uma das principais características avaliadas na seleção de ovinos de corte. Segundo Araujo (1997) é a medida que proporciona um rendimento de carcaça mais exato, e pode ser

mensurada em um mesmo animal em diferentes idades. As medidas repetidas de pesos corporais de um mesmo animal caracterizam os dados longitudinais e podem ser ajustadas por meio de modelos de “dimensões infinitas”, em que o fenótipo de um animal é descrito como uma função (KIRKPATRICK e HECKMAN, 1989). O termo dimensão infinita está associado ao fato da matriz de covariância entre os registros ser tempo-dependente.

Oliveira (2016) encontrou estimativas de herdabilidade para peso corporal de 0,18 (0,05) em ovinos da raça Santa Inês. Pollott et al. (2004) relataram estimativas de herdabilidade para peso corporal de 0,23 na raça Merino, Riley e Van Wyk (2009) obtiveram estimativas de herdabilidade de 0,19 para a mesma característica em ovinos da raça Merino na África e Gizaw et al. (2008) encontraram estimativas de herdabilidade de 0,46 (0,02) em ovinos da raça Menz na Etiópia. Janssens e Vandepitte (2004) relataram estimativas de herdabilidade de 0,54, 0,49 e 0,50 em ovinos da raça Belgian Blue du Maine, Suffolk e Texel, respectivamente. Coltman et al. (2001), estudando ovinos Soay, encontraram estimativas de correlações genéticas entre peso corporal e contagem de ovos por grama de fezes que variaram de -0,39 (0,19) a -0,05 (0,04).

4. Estrutura populacional

O estudo da variabilidade genética pode ser realizado por meio da análise genealógica ou ainda pela comparação entre os valores fenotípicos mensurados nos indivíduos em diferentes idades (AZOR et al., 2008; CRUZ et al., 2011). A avaliação da genealogia de uma população fornece informações primordiais sobre a estrutura genética e até mesmo a demografia da população. A utilização de informações contidas no *pedigree*, aliada às informações fenotípicas, possibilita realizar avaliações genéticas de reprodutores, o que se constitui em importante etapa na elaboração de programas de melhoramento genético (VERCESI FILHO et al., 2002).

A estrutura populacional inicial sofre alterações das frequências alélicas com o passar dos anos e isso pode ser observado em programas de melhoramento genético. Alterações estruturais na população devido à seleção reduzem a diversidade genética e a contribuição dos fundadores (FARIA et al.,

2002). Portanto, o estudo dos parâmetros populacionais pode ser utilizado como indicador de ações futuras a serem tomadas pelos programas de melhoramento genético (MALHADO et al., 2008a). A estrutura populacional pode ser estudada por meio de informações como integridade do pedigree, número de gerações, coeficiente de endogamia, coeficiente médio de parentesco e tamanho efetivo da população e tamanho efetivo relativo.

A integridade do pedigree pode ser calculada pela quantidade de registros do pedigree de um indivíduo, ou de uma população (BOKOR et al., 2013). Outra forma de calcular a integridade do pedigree é comparando a quantidade de gerações máximas, que se define pela quantidade total de gerações, sendo os pais desses animais conhecidos ou desconhecidos, com o número de gerações completas, a qual ambos os pais são conhecidos (Maignel et al., 1996). Quanto maior a proximidade entre o número de gerações máximas e o número de gerações completas, mais confiável é a informação obtida pelo pedigree. O número de gerações equivalentes é dado pela soma de todos os ancestrais dos quais se tem registro e obtido por $(1/2)^n$, em que n é o número de gerações em que o indivíduo é separado de cada ancestral conhecido.

O coeficiente de endogamia é a probabilidade de dois alelos do mesmo *locus* serem idênticos por descendência (WRIGHT, 1922). Endogamia resulta do acasalamento de indivíduos que possuem pelo menos um ancestral comum. O aumento da endogamia pode resultar no aumento da homozigose na população, resultando em depressão endogâmica e perda de variabilidade genética podendo afetar o desempenho fenotípico para certas características, principalmente reprodutivas (FALCONER e MACKEY, 1996).

O coeficiente médio de parentesco (AR) é duas vezes a probabilidade de que dois alelos aleatórios (um do animal e outro da população) sejam idênticos por descendência. A investigação detalhada desse parâmetro (AR). valiação da diversidade genética de uma dada população (ORAVCOVÁ e MARGETÍN, 2011), mas deve ser considerada com cautela (CARNEIRO et al., 2010). Por ser tratar de um parâmetro de avaliação da diversidade genética, o AR é muito utilizado para conhecer as consequências das estratégias de acasalamentos em uma população (NAVARRO, 2008). A redução nos níveis

de endogamia e a elevação do tamanho efetivo da população pode ser devido ao direcionamento dos acasalamentos (VALERA et al., 2005).

O tamanho efetivo (N_e) é definido como o tamanho de uma população idealizada que poderia gerar a mesma quantidade de endogamia ou variância nas frequências alélicas como a observada na população sob consideração (KIMURA; CROW, 1963; CABALLERO, 1994). Em estudos da estrutura genética populacional, em ovinos da raça Morada Nova realizados por. Em trabalho com ovinos da raça Santa Inês, Pedrosa et al. (2010) observaram que, entre os anos de 1998 e 2008, o tamanho efetivo diminuiu de 145 para 70, enquanto que a endogamia total aumentou de 0,5% para 3,5%.

Quanto menor o N_e maior a probabilidade de ocorrer acasalamentos entre indivíduos aparentados, o que pode gerar maiores coeficientes de endogamia, redução da variância genética aditiva e, possivelmente, do valor fenotípico (BREDA et al., 2004; POGGIAN, 2008). Isso se deve principalmente pelo uso intensivo de poucos machos melhorados nos rebanhos e do aumento da variação do número de progênes por reprodutor em gerações sucessivas (CUNHA et al., 2006).

A endogamia pode causar aumento na expressão de alelos deletérios sobre as características economicamente importantes, que é denominado depressão endogâmica. A depressão endogâmica é expressa por meio da proporção em que o desempenho de uma característica economicamente importante declina de acordo com o aumento do coeficiente de endogamia. Portanto, é de extrema importância que haja um monitoramento dos acasalamentos e controle em programas de melhoramento genético, uma vez que pode causar perdas na produtividade.

5. Medidas repetidas e Modelos de Regressão aleatória

Os autores Singer et al. (2015) afirmaram que existe interesse prático e objetivo em modelar o desempenho de uma ou mais variáveis respostas, em que as mesmas são medidas em um ou em vários indivíduos ao longo de uma dimensão ordenada de tempo. A utilização de medidas repetidas possuem algumas vantagens, como:

- (a) utilização de menor quantidade de unidades experimentais (ou unidades amostrais);
- (b) avaliação das mudanças individuais ou populacionais ao longo do tempo, em que é possível observar a variável resposta sob níveis frequentes de outras covariáveis que podem influenciá-la (Rocha, 2004);
- (c) parâmetros dos modelos estatísticos podem ser estimados de forma mais eficiente sob estudos longitudinais do que sob estudos transversais com a mesma quantidade de observações (Singer et al., 2015).

A utilização de medidas repetidas também implica em algumas desvantagens:

- (a) as análises são mais trabalhosas, pois é necessário que as correlações das mensurações realizadas no mesmo indivíduo sejam modeladas (Rocha, 2004; Singer et al., 2015);
- (b) presença de dados inexistentes ou incompletos. Na prática, isso ocorre com maior frequência, necessitando de maior atenção de quem está colhendo os dados para futuras análises (Singer et al., 2015).

Os modelos de regressão aleatória (MRA) utilizados na avaliação genética de características medidas ao longo do tempo surgiram como alternativa ao modelo de repetibilidade e foram proposto primeiramente por Henderson Jr. (1982). O uso de modelos de regressão aleatória mostrou-se mais vantajoso por permitir melhor utilização e ajuste dos dados, pois todas as medidas do animal e seus parentes são utilizadas para a avaliação e melhoria da acurácia na seleção (Laird e Ware, 1982).

Os modelos de regressão aleatória foram utilizados para estimar parâmetros genéticos das curvas de produção de leite (JAMROZIK et al., 1997; JAMROZIK e SCHAEFFER, 1997; DRUET et al., 2003; EL FARO e ALBUQUERQUE, 2003; BREDA et al., 2006, JAMROZIK et al., 2007; MUIR et al., 2007; TOGASHI et al., 2008; EL FARO et al., 2008; BIGNARDI et al., 2009; BIGNARDI et al., 2012). Sarmiento et al. (2006) e Lôbo et al. (2009) utilizaram os MRA para estimar parâmetros genéticos em ovinos e Huisman et al. (2002) estimaram parâmetros genéticos em suínos por meio dos MRA. Estudos em bovinos de corte realizados por Albuquerque e Meyer (2001), Santoro et al. (2005), e Boligon et al. (2009, 2010, 2011) aplicaram MRA. Alguns autores (ANANG et al., 2002; SZWACZKOWSKI et al., 2006; WOLC e

SZWACZKOWSKI, 2009; WOLC et al., 2011; VENTURINI et al., 2012) utilizaram estes modelos na avaliação genética da curva de produção de ovos de poedeiras.

Os MRA têm como principal vantagem o melhor ajuste dos dados longitudinais. Para tal, os dados são ajustados por meio de polinômios ordinários ou funções lineares que modelam a trajetória para a média populacional (regressão fixa) e para cada animal (regressão aleatória), expressas como desvios de uma curva média da população (SCHAEFFER, 1996). Em ovinos, os MRA podem utilizar registros de desempenho corporal e resistência à verminose para avaliar geneticamente o seu crescimento e resistência a verminoses e estimar os parâmetros genéticos. Por meio dos MRA é possível utilizar diferentes funções para descrever a variação do crescimento e resistência a verminose.

A função de covariância dos modelos de regressão aleatória é descrita como várias funções contínuas entre medidas tomadas em diferentes idades (Van der Werf e Schaeffer, 1997). Meyer e Hill (1997) e Meyer (1998) demonstraram que os coeficientes das funções de covariância podem ser estimados por meio dos dados, utilizando-se a reparametrização dos algoritmos do método da máxima verossimilhança restrita (REML) em modelos multivariados de dimensão finita. A forma mais utilizada para fazer o ajuste das funções de covariância, reparametrização do algoritmo, é por meio dos polinômios ortogonais de Legendre (KIRKPATRICK et al., 1994). Portanto, o ajuste de modelos de funções de covariância em modelos de regressão aleatória depende de estimativas de coeficientes dos polinômios e o número de coeficientes é determinado pela ordem dos polinômios.

6. Análises Multivariadas

As análises multivariadas são utilizadas com a finalidade de explorar e entender as informações contidas em um conjunto de dados. As análises multivariadas podem ser utilizadas em programas de melhoramento genético de ovinos a fim de encontrar animais que contribuam geneticamente para a melhoria do desempenho das características de importância econômica. Os métodos multivariados também permitem conhecer melhor a estrutura genética

da população explorando os valores genéticos dos animais. A análise de componentes principais, uma das técnicas multivariadas mais utilizadas, tem como um de seus principais objetivos descrever um conjunto de variáveis originais por meio da criação de um número menor de dimensões de variabilidade comum, existente em um conjunto de dados. Para isso, pressupõe-se que as variáveis tenham alta correlação para agrupá-las em componentes principais. A existência de cada componente principal explica a correlação em determinado grupo de variáveis (HAIR et al., 2009).

A análise de agrupamento busca agrupar indivíduos com base em um conjunto de variáveis, maximizando a homogeneidade dentro dos grupos e a heterogeneidade entre grupos (HAIR et al., 2009). A maioria dos métodos de agrupamento utilizam medidas de semelhança entre as características dos indivíduos a serem agrupados e normalmente são expressas como uma medida de distância, sendo a medida Euclidiana a medida de semelhança mais utilizada.

Existem basicamente duas análises de agrupamento: a hierárquica e a não-hierárquica. A análise de agrupamento hierárquica agrupa as linhas de um banco de dados com base em características de agrupamento. O resultado desta análise é demonstrado por um gráfico denominado dendrograma, no qual os indivíduos são ordenados por proximidade e agrupados segundo as variáveis escolhidas. O método mais utilizado para a análise de agrupamento hierárquico é o de Ward (1963). Segundo Hair et al. (2009), a utilização do método de Ward resulta em agrupamentos de tamanhos aproximadamente iguais devido a minimização de variação interna.

A análise de agrupamento não hierárquico utiliza o método *k-means* e tem o objetivo de buscar a melhor solução na formação de grupos. Fornece uma classificação prévia dos grupos e minimiza a diferença dentro de grupos, maximizando as diferenças entre os grupos (HAIR et al., 2009). Ainda segundo os autores, o número de agrupamentos normalmente é pré-estabelecido na análise de agrupamento hierárquica quando não se tem critério definido para a definição dos grupos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

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

ALBUQUERQUE, F. H. M. A. R. de OLIVEIRA, L. S. **Produção de Ovinos de Corte: Terminação de Cordeiros no Semiárido**. Info. Embrapa, 2015, 58p.

ALBERS, G. A. A.; GRAY, G. D.; PIPER, L. R.; BAKER, J. S. F.; LE JAMBRE, L. F.; BARGER, I. A. The genetics of resistance and resilience to *Haemonchus contortus* Infection in young merino sheep. **International Journal for Parasitology**, v. 17, n. 7, p.1355-1363, 1987.

AMARANTE, A.F.T.; BRICARELLO, P. A.; ROCHA, R. A.; GENNARI, S. M. Resistance of Santa Ines, Suffolk and Ile de France sheep to naturally acquired gastrointestinal nematode infections. **Veterinary Parasitology**, v. 120, n. 1, p. 91-106, 2004.

ANANG, A.; MIELENZ, N.; SCHÜLER, L. Monthly model for genetic evaluation of laying hens II. Random regression. **British Poultry Science**, v.43, p.384-390, 2002.

ARAÚJO, G. G. L. **Consumo, digestibilidade, desempenho, composição corporal e exigências nutricionais de bezerros alimentados com dietas contendo diferentes níveis de volumoso**. 107 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa - UFV, 1997.

AZOR, P.J.; CERVANTES, I.; VALERA, M.; ARRANZ, J.J.; MEDINA, C.; GUTIÉRREZ, J.P.; GOYACHE, F.; MUÑOZ, A.; MOLINA, A. Análisis preliminar de la estructura genética del Merino: situación de las estirpes tradicionales mediante análisis genealógico y molecular. **ITEA**, v.104, n.2, p.295-302, 2008.

BIGNARDI, A. B.; EL FARO, L.; CARDOSO, V. L.; MACHADO, P. F.; ALBUQUERQUE, L. G. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. **Livestock Science**, v. 123, n. 1, p. 1-7, 2009.

BIGNARDI, A. B.; EL FARO, L.; ROSA, G. J. M.; CARDOSO, V. L.; MACHADO, P. F.; ALBUQUERQUE, L. G. Principal components and factor analytic models for test- day milk yield in Brazilian Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 95, p. 2157- 2164, 2012.

BISHOP, S. C.; JACKSON, F.; COOP, R. L.; STEAR, M. J. Genetic parameters for resistance to nematode infections in Texel lambs and their utility in breeding programmes. **Animal Science**, v. 78, p. 185-194, 2004.

BOKOR, Á.; JÓNÁS, D.; DUCRO, B.; NAGY, J.; BOKOR, J.; SZABARI. Pedigree analysis of the Hungarian Thoroughbred population. **Livestock Science**, Århus, v. 151, p. 1-10, 2013.

BOLIGON, A. A.; BALDI, F.; MERCADANTE, M. E. Z.; LÔBO, R. B.; PEREIRA, R. J.; ALBUQUERQUE, L. G. Breeding value accuracy estimates for growth traits using random regression and multi-trait models in Nelore cattle. **Genetics and Molecular Research**, v.10, p.1227-1236, 2011.

BOLIGON, A. A.; MERCADANTE, M. E. Z.; BLADI, F.; LÔBO, R. B.; ALBUQUERQUE, L. G. Multi-trait and random regression mature weight heritability and breeding value estimates in Nelore cattle. **South Africa Journal of Animal Science**, v.39, p.145-148, 2009.

BOLIGON, A. A.; MERCADANTE, M. E. Z.; FORNI, S.; LÔBO, R. B.; ALBUQUERQUE, L. G. Covariance functions for body weight from birth to maturity in Nellore cows. **Journal of Animal Science**, v.88, p.849-859, 2010.

BREDA, F.C.; EUCLIDES, R.F.; PEREIRA, C.S.; TORRES, R.A.; CARNEIRO, P.L.S.; SARMENTO, J.L.R.; TORRES FILHO, R.A.; MOITA, A.K.F. Endogamia e Limite de Seleção em Populações Seleccionadas Obtidas por Simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.2017-2025, 2004 (Suplemento 2).

BREDA, F. C.; ALBUQUERQUE, L. G.; YAMAKI, M.; REIS FILHO, J. C.; SARMENTO, J. L. R.; LOPES, P. S.; RODRIGUES, M. T. Estimação de parâmetros genéticos para produção de leite de cabras da raça alpina. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.2, p.396-404, 2006.

CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R. Estrutura populacional e sua aplicação na conservação e melhoramento genético animal. In: Simpósio Nordestino de Produção Animal, Mossoró, 6, 2010. Mossoró. **Anai...** Mossoró: Sociedade Nordestina de Produção Animal, 2010.

CARVALHO, P. C. F.; RIBEIRO FILHO, H. M. N.; POLI, C. H. E. C.; MORAES, A. D.; DELAGARDE, R. Importância da estrutura da pastagem na ingestão e seleção de dietas pelo animal em pastejo. In: MATTOS, W. R. S (Org.). Anais da XXXVIII **Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v. 1, p. 853-871, 2001.

COLTMAN, D. W.; PILKINGTON, J.; KRUUK, L. E. B.; WILSON, K AND. PEMBERTON J M. Positive genetic correlation between parasite resistance and body size in a free-living ungulate population. **Evolution**, v. 55, p. 2116-2125, 2001.

CUNHA, E.E.; EUCLIDES, R.F.; TORRES, R.A.; CARNEIRO, P.L.S. Simulação de dados para avaliação genética de rebanhos de gado de corte. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, p.381-387, 2006.

CRUZ, C.D.; FERREIRA, F.M.; PESSONI, L.A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2011. 620p.

DRUET, T.; JAFFRÉZIC, F.; BOICHARD, D.; DUCROCQ, V. Modeling lactation curves and estimation of genetic parameters for first lactation test-day records of French Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, v. 86, n. 7, p. 2480-2490, 2003.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L. G. Random regression test-day models for milk yield records, with different structure of residual variances. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, p. 1104-1113, 2003.

EL FARO, L.; CARDOSO, V. L.; ALBUQUERQUE, L. G. Variance component estimates applying random regression models for test-day milk yield in Caracu heifers (*Bos taurus* Artiodactyla, Bovidae). **Genetics and Molecular Biology**, v.31, p.665-673, 2008.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. Introduction to quantitative genetics. 4. ed. Harlow: Longman House. p. 245 – 253, 1996.

FARIA, F.J.C.; VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA F.E.; JOSAHKIAN, L.A. Estrutura populacional da raça Nelore Mocho. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, n.5, p.501-509, 2002.

GIZAW, S.; KOMEN, H.; ARENDONK, J. A. M. VAN. Selection on linear size traits to improve live weight in Menz sheep under nucleus and village breeding programs. **Livestock Science**. v. 118, p. 92–98, 2008.

HAIR, J. F.; BLACK, W. C.; BABIN, B. J.; ANDERSON, R. E. **Multivariate data analysis**. 7 ed. Upper Saddle River: Prentice Hall, 2009. 816 p.

HENDERSON JR, C. R. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, nonhomogeneous, and random regressions. **Biometrics**, v. 38, n. 3, p. 623-640, 1982.

HUISMAN, A. E.; VEERKAMP, R. F.; VAN ARENDONK, J. A. M. Genetic parameters for various random regression models to describe the weight data of pigs. **Journal of Animal Science**, v.80, p.575-582, 2002.

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em: <<http://www.ibge.org.br>>. Acesso em: 10 março de 2017.

JAMROZIK, J.; FATEHI, J.; SCHAEFFER, L. R. Application of robust procedures for estimation of breeding values in multiple-trait random regression test-day model. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.124, p.3-11, 2007.

JAMROZIK, J.; KISTEMAKER, G. J.; DEKKERS, J. C. M.; SCHAEFFER, L. R. Comparison of possible covariates for use in a random regression model for analyses of test day yields. **Journal of Dairy Science**, v. 80, n. 10, p. 2550-2556, 1997.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L. R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 80, n. 4, p. 762-770, 1997.

JANSSENS, S.; VANDEPITTE, W. Genetic parameters for body measurements and linear type traits in Belgian Bleu du Maine, Suffolk and Texel sheep. **Small Ruminant Research**, v. 54, p. 13–24, 2004.

JARDIM, W.R. **Os ovinos**. São Paulo: Nobel, 1974, 196p.

KATIKI, L. M. et al. Controle parasitológico através da nutrição de ovelhas Santa Inês, Morada Nova e Texel em lactação. **Artigo Técnico**: Instituto de Zootecnia. Nova Odessa, 2007.

KIRKPATRICK, M.; HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape, reaction norms, and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, v. 27, n. 4, p. 429–450, 1989.

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

KUNENE, N. W.; BEZUIDENHOUT, C. C.; NSAHLAI, I. V. Genetic and phenotypic diversity in Zulu sheep populations: implications for population. **Small Ruminant Research**, v. 84, n. 1, p. 100-10, 2009.

LAIRD, N. M.; WARE, J. H. Random effects models for longitudinal data. **Biometrics**, 35 v.38, p.963-974, 1982.

LÔBO, R. N. B.; VIEIRA, L. S.; OLIVEIRA, A. A.; MUNIZ, E. N.; SILVA, J. M. Genetic parameters for faecal egg count, packed-cell volume and body-weight in Santa Inês lambs. **Genetics and Molecular Biology**, v. 32, n. 2, p. 288-294, 2009.

MAGALHÃES K. A.; MARTINS, E. C.; DE SOUZA J. D. F.; BARBOSA C. M. P.; GUIMARÃES, V. P. Panorama e perspectiva nacional da Ovinocultura e Caprinocultura. Brasília, 2016.

MAIGNEL, L.; BOICHARD, D.; VERRIER, E. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. **Interbull Bulletin**, Uppsala, n. 14, p. 49-54, 1996.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; PEREIRA, D.G.; MARTINS FILHO, R. Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no Estado da Bahia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.9, p.1163-1169, 2008a.

MARTINS, E. C.; MAGALHÃES K. A.; DE SOUZA J. D. F.; BARBOSA C. M. P.; GUIMARÃES, V. P. Panorama e perspectiva mundial da ovinocultura e caprinocultura. Brasília, 2016.

MEYER, K.; HILL, W.G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or "repeated" records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**, v.47, p.185-200, 1997.

MEYER, K. "DXMRR" - A program to estimate covariance functions for longitudinal data by REML. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6., 1998, Armidale. **Proceedings...** Armidale, 1998. (CD-ROM).

MEXIA, A. A.; DE MACEDO, F. DE. A. F.; DE OLIVEIRA, C. A. L.; ZUNDTS, M.; YAMAMOTO, S. M.; SANTELLO, G. A.; CARNEIRO, R. DEL. C.; SASA, A. Susceptibilidade a nematóides em ovelhas Santa Inês, Bergamácia e Texel no Noroeste do Paraná. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 32, n. 4 Sup1, p. 1921-1928, 2011.

MUIR, B. L.; KISTEMAKER, G.; JAMROZIK, J.; CANAVESI, F. Genetic parameters for a multiple-trait multiple-lactation random regression test-day model in Italian Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.90, p.1564-1574, 2007.

NAVARRO, C.I. **Estructura genetica del caballo de pura raza Árabe Español y su influencia em razas derivadas: aplicación de nuevas metodologias em El cálculo Del tamaño efectivo**. Madri (Espanha): Universidad Complutense de Madrid, 2008. Tese (Doutorado) - Universidad Complutense de Madrid, 2008.

NIEUWOUDT, S.W.; THERON, H.E.; KRÜGER, L.P. Genetic parameters for resistance to Haemonchus contortus in Merino sheep in South Africa. **Journal South Africa Medical Association**, v. 73, p. 4-7, 2002.

OLIVEIRA, E. J. **Crítérios de seleção para características de importância econômica em ovinos da raça Santa Inês**. 109 f. Tese (Doutorado em

Zootecnia) - Universidade de São Paulo - USP, 2016.

ORAVCOVÁ, M.; MARGETÍN, M. Preliminary assessment of trends in inbreeding and average relatedness of the former valachian sheep. **Slovak Journal of Animal Science**, v.44, n.3, p.90-96, 2011.

PEDROSA, V.B.; SANTANA JR., M.L.; OLIVEIRA, P.S.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. **Small Ruminant Research**, on line, 2010.

POGGIAN, C.F. **Variabilidade genética e endogamia na população Guzerá sob seleção para a produção de leite**. Juiz de Fora: 2008. 58p. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas) – Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Juiz de Fora, Juiz de Fora, 2008.

POLLOTT, G. E; KARLSSON, L. J.; EADY, S.; GREEFF, J. C. Genetic parameters for indicators of host resistance to parasites from weaning to hogget age in Merino sheep. **Journal of Animal Science**, v. 82, n. 10, p. 2852-2864, 2004.

REIS, G.L.; MELO, F. H.; ALBUQUERQUEI, A. R.; VALENTEI, B. D.; TEODOROIII, G. A. M. R. L.; BOSCO, M. B. D. F. J.; MONTEIROIII, N.; MADALENA, S. F. E. Predição de peso vivo a partir de medidas corporais em animais mestiços Holandês/Gir. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 38, n. 3, p.778 - 783, 2008.

ROCHA, R. A.; AMARANTE, A. F. T.; BRICARELLO, P. A. Comparison of the susceptibility of Santa Inês and Ile de France ewes to nematode parasitism around parturition and during lactation. **Small Ruminant Research**, v. 55, n. 1, p. 65-75, 2004.

RILEY, D. G.; VAN WYK, J. A. Genetic parameters for FAMACHA© score and related traits for host resistance/resilience and production at differing severities of worm challenge in a Merino flock in South Africa. **Veterinary Parasitology**,

v. 164, p.44-52, 2009.

SANTORO, K. R.; BARBOSA, S. B. P.; SANTOS, E. S.; BRASIL, L. H. A. Uso de funções de covariância na descrição do crescimento de bovinos nelore criados no Estado de Pernambuco. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.2290-2297, 2005.

SARMENTO, J. L. R.; TORRES, R. A.; PEREIRA, C. S.; SOUSA, W. H.; LOPES, P. S.; ARAÚJO, C. V.; EUCLYDES, R. F. Avaliação genética de características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, n.1, p.68-77, 2006.

SAVEGNAGO, R. P. Modelos de regressão aleatória, análise multivariada e redes neurais artificiais na avaliação genética da produção de leite de vacas holandesas. 2013. 112f. Tese (Doutorado) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2013.

SCHAEFFER, L. R. **Tópicos avançados em melhoramento animal: random regression models**. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, p.25- 33, 1996. (notas do curso).

SINGER, J.M.; NOBRE, J.S.; ROCHA, F.M.M. **Análise de dados longitudinais**. 2015. Teresina, 11 novembro 2017. Disponível em: <http://www.ime.usp.br/~jmsinger/MAE0610/Singer&Rocha&Nobre2015fev.pdf> f. Acessado em 11/Novembro/2017.

SOUSA, W.H. et al. Estimativas de componentes de (co)variância e herdabilidade direta e materna de pesos corporais em ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, p.1252-1262, 1999

STEAR, M. J.; MURRAY, M. Genetic resistance to parasitic disease: particularly of resistance in ruminants to gastrointestinal nematodes. **Veterinary Parasitology**, v. 54, n. 1, p. 161-176, 1994.

SZWACZKOWSKI, T.; WOLC, A.; LISOWSKI, M. Genetic evaluation in laying hens based on fixed and random regression models. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8, 2006, Belo Horizonte, Brasil. **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006. CD-ROM.

TOGASHI, K.; LIN, C. Y.; ATAGI, Y.; HAGIYA, K.; SATO, J.; NAKANISHI, T. Genetic characteristics of Japanese Holstein cows based on multiple-lactation random regression test-day animal models. **Livestock Science**, v.114, p.194-201, 2008.

VALERA, M.; MOLINA, A.; GUTIÉRES, J.P.; GÓMEZ, J.; GOYACHE, F. Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. **Livestock Production Science**, v.95, p.57-66, 2005.

VAN DER WERF, J.H.J.; SCHAEFFER, L. Random regression in animal breeding. CGIL Guelph, Canada, 1997. (Course Notes).

VANIMISETTI, H. B.; ANDREW, S. L.; ZAJAC, A. M.; NOTTER, D. R. Inheritance of fecal egg count and packed cell volume and their relationship with production traits in sheep infected with *Haemonchus contortus*. **Journal of Animal Science**, v. 82, n. 6, p. 1602-1611, 2004.

VENTURINI, G. C.; GROSSI, D. A.; RAMOS, S. B.; CRUZ, V. A. R.; SOUZA, C. G.; LEDUR, M. C.; EL FARO, L.; SCHMIDT, G. S.; MUNARI, D. P. Estimation of genetic parameters for partial egg production periods by means of random regression models. **Genetics and Molecular Research**, v.11, p.1819-1829, 2012.

VERCESI FILHO, A.E.; FARIA, F.J.C.; MADALENA F.E.; JOSAHKIAN, L.A. Estrutura populacional do rebanho Tabapuã registrado no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, n.6, p. 609-617, 2002.

WARD, J. H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, v. 58, p. 236-244, 1963.

WHITLOCK, J. H. The inheritance of resistance to trichostrongylidosis in sheep. I Demonstration of the validity of the phenomena. **Cornell Veterinarian**, Ithaca, v. 48, n. 2, p. 127-133, 1958.

WOLC, A.; ARANGO, J.; SETTAR, P.; O'SULIVAN, N. P.; DE, J. C. M. Evaluation of egg production in layers using random regression models. **Poultry Science**, v.90, p.30- 34, 2011.

WOLC, A.; SZWACZKOWSKI, T. Estimation of genetic parameters for monthly egg production in laying hens based on random regression models. **Journal of Applied Genetics**, v. 50, p.41-46, 2009.

WOOLASTON, R. R; PIPER, L. R. Slection of Merino sheep for resistance to *Haemonchus contortus*: genetic variation. **Animal Science**. Haddington. v. 62, n. 3, p. 451- 460, 1996.

WRIGHT, S. Coefficients of inbreeding and relationship. *The American Naturalist*, Chicago, v. 56, n. 645, p. 330-338, 1922.

ZACHARIAS, F. Controle Alternativo da infecção por *Haemonchus contortus* em ovinos: Avaliação do tratamento Homeopático. Salvador: Universidade Federal da Bahia, EMV, 2004. 130p. Dissertação de Mestrado.

CAPÍTULO 2. ANÁLISE DE PEDIGREE E DEPRESSÃO ENDOGÂMICA PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E RESISTÊNCIA À VERMINOSE EM OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS

RESUMO: Importantes informações a respeito da história e estrutura genética da população são fornecidas pela análise de genealogia. O objetivo deste trabalho foi analisar a estrutura populacional e verificar o efeito da endogamia sobre características fenotípicas de crescimento e resistência a verminose em ovinos da raça Santa Inês. Os parâmetros populacionais estimados foram o coeficiente médio de endogamia (F), a porcentagem de animais endogâmicos, o coeficiente de endogamia médio para os animais endogâmicos, o parentesco médio (AR) e tamanho efetivo da população (N_e) e o tamanho efetivo relativo por geração máxima. A estrutura do pedigree foi analisada utilizando o programa Endog 4.8. O coeficiente de endogamia médio calculado para a população foi igual a 0,0091. O aumento na taxa de endogamia dos animais estudados, nascidos entre os anos de 2002 a 2013, para geração máxima (8 gerações), geração completa (5 gerações) e geração equivalente (5 gerações) foi igual a 0,62%, 1,62% e 1,18%, respectivamente. Foi observado aumento no coeficiente de endogamia até a 6ª geração máxima e também aumento do parentesco médio e da porcentagem de animais endogâmicos até a 7ª geração máxima. O tamanho efetivo relativo apresentou aumento de 60% da 3ª para a 4ª geração máxima enquanto que da 5ª para a 6ª geração máxima houve queda de 74 % no tamanho efetivo relativo. Foi possível observar efeito linear entre o coeficiente de endogamia e os valores fenotípicos para peso corporal e contagem de ovo por grama de fezes. Mesmo com o aumento da endogamia à superioridade dos efeitos da seleção sobre os possíveis efeitos prejudiciais da endogamia está prevalecendo para peso corporal e contagem de ovos por grama de fezes.

Palavras-chave: estrutura populacional, ovinos de corte, regressão linear.

INTRODUÇÃO

Informações importantes a respeito da história e estrutura genética da população, bem como da evolução da variabilidade genética podem ser fornecidas pela análise da genealogia de uma raça (GOYACHE et al., 2010), principalmente, no que se diz respeito ao uso intensivo de um pequeno número de indivíduos superiores (SANTANA JÚNIOR et al., 2012).

Mesmo com o crescimento da utilização de técnicas de genética molecular para o estudo de populações de animais domésticos, os registros de pedigree continuam sendo importantes para obter os parâmetros populacionais devido ao seu baixo custo e simplicidade de obtenção em comparação ao uso de marcadores moleculares (CARNEIRO et al., 2009). Avaliações genéticas de reprodutores são possíveis por meio da utilização de registros de pedigrees, aliadas às informações fenotípicas, sendo uma etapa importante na elaboração de programas de melhoramento genético (VERCESI FILHO et al., 2002).

O efeito deletério da endogamia sobre as características economicamente importantes é denominado depressão endogâmica. Seu efeito é avaliado por meio da proporção em que o desempenho de uma característica declina de acordo com o aumento do coeficiente de endogamia (CHARLESWORTH; WILLIS, 2009). Portanto, a endogamia deve ser controlada em programas de melhoramento genético, uma vez que pode causar perdas na produtividade e, conseqüentemente, levar à elevadas perdas econômicas. Assim, este trabalho teve como objetivo analisar a estrutura populacional e verificar o efeito da endogamia sobre características de crescimento e de resistência à verminose em ovinos da raça Santa Inês.

MATERIAL E MÉTODOS

1. Descrição dos dados

Os dados utilizados foram provenientes de registros de pedigree de 2.410 animais da raça Santa Inês, sendo 1703 fêmeas e 707 machos, nascidos entre os anos de 2002 a 2013. As características fenotípicas estudadas foram: peso corporal (PC), volume globular (VG) e contagem de ovos por grama de

fezes (OPG). Os dados pertencem a cinco fazendas da região Sudeste do Brasil, com localizações nos municípios de Cravinhos (21°20'25"), Jardinópolis (21° 01' 04"), Nova Odessa (22°46'39"), Pontal (21°01'21") e Serrana (21°12'41"). Estes municípios se caracterizam por apresentar clima tropical, com duas estações bem definidas. Os animais destas cinco fazendas foram selecionados para peso corporal. A colheita dos dados foi realizada mensalmente no período de julho de 2013 a outubro de 2014.

As descrições do arquivo de pedigree e as estatísticas descritivas do arquivo de dados estão nas Tabelas 1 e 2, respectivamente. A edição do arquivo de dados e as estatísticas descritivas foram realizadas no software R (Development Core Team, 2010) e a análise do pedigree foi realizada a partir do software Endog 4.8 (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005).

Tabela 1. Descrição da estrutura do arquivo de pedigree.

Arquivo de pedigree	N
Animais com registros	753
Animais sem registros	1.657
Número de reprodutores	131
Número de Matrizes	276

Tabela 2. Número de observações (N), Médias ($\bar{x}$), desvios-padrão (S), Mínimo (Min) e Máximo (Max) para peso corporal (PC), volume globular (VG) e contagem de ovos por grama de fezes (OPG) para ovinos da raça Santa Inês.

Características	N	$\bar{x}$	S	Min	Max
PC (kg)	2.159	45,46	18,68	10,00	134,50
VG (%)	1.468	29,30	4,31	15,00	36,00
OPG (ovos/ grama de fezes)	981	1.264,40	41,20	640,00	2.150,00

2. Integridade do pedigree

O algoritmo utilizado pelo programa Endog 4.8 possibilitou o cálculo da contribuição de informação obtida por geração. Além disso, foram calculados o

número de gerações das seguintes maneiras: número de gerações completas, no qual ambos os pais dos animais são conhecidos, número de gerações máximas, que é obtido pelo número total de gerações possíveis, com os pais conhecidos ou não, e número de gerações equivalentes obtido pelo somatório de $(1/2)^n$, em que n é o número de gerações que separa o indivíduo do ancestral do qual se tem registro conhecido (MAIGNEL et al., 1996).

3. Coeficiente de endogamia

O coeficiente de endogamia, definido pela probabilidade de um indivíduo possuir dois alelos idênticos por descendência (WRIGHT, 1922), foi calculado por meio do algoritmo desenvolvido por Meuwissen e Luo (1992). A mudança da endogamia por gerações (ΔF) foi calculada a partir da equação:

$$\Delta F = \left(\frac{F_t - F_{(t-1)}}{1 - F_{(t-1)}} \right)$$

sendo que F_t e F_{t-1} são a endogamia média na t -ésima e t -ésima-1 geração (WRIGHT, 1922).

4. Coeficiente de parentesco médio (AR)

Este parâmetro pode ser calculado como a média dos coeficientes da linha correspondente ao indivíduo no numerador da matriz de parentesco **A**, utilizando o método modificado demonstrado por Gutiérrez et al., (1990). No presente trabalho, a matriz de parentesco incluiu 2.410 animais.

5. Tamanho efetivo da população (N_e)

O tamanho efetivo da população foi calculado a partir da equação:

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F}$$

Em que ΔF é a variação do coeficiente de endogamia por geração.

6. Tamanho efetivo relativo da população (N_e/N)

O tamanho efetivo relativo da população foi calculado a partir da equação:

$$N_e = \frac{\frac{1}{2}\Delta F}{N}$$

Em que N é o número de observações do pedigree em cada geração.

7. Depressão endogâmica

Para o cálculo da depressão endogâmica foi realizada regressão linear das características peso corporal (PC) e volume globular (VG) e regressão de Poisson para a característica contagem de ovos por grama de fezes (OPG), ambas em função do coeficiente de endogamia (F) e em função de classes de coeficiente de endogamia (Classe 1: $F = 0$; Classe 2: $0 < F \leq 0,05$; Classe 3: $0,05 < F \leq 0,10$; Classe 4: $0,10 < F \leq 0,15$ e Classe 5: $0,15 < F \leq 0,20$). As análises e gráficos foram obtidos utilizando o software R (Development Core Team, 2010). A hipótese de que o coeficiente de regressão fosse igual à zero foi testada utilizando a estatística t.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dos 2.410 animais estudados, 65,12%, 27,28% e 21,52%, possuíam pedigree na primeira, segunda e terceira ascendência, respectivamente. As informações de pedigree foram diferentes para as linhas paternas e maternas (Figura 1). Da primeira para a segunda geração ocorreu perda de informação, uma vez que 34,88% dos animais não possuíam informações de pai e mãe no pedigree. A perda de informações ocorrida neste estudo para a raça Santa Inês ocorreu devido ao início de colheita do pedigree nas fazendas e foi menor do que as encontradas por Goyache et al. (2010), em raças espanholas Mallorquina em que 65,70% e 49,50% dos animais não possuíam registro de pais. Teixeira Neto et al. (2013), trabalhando com ovinos da raça Santa Inês, encontraram que dentre os 13.216 animais estudados 80,86% apresentaram

pedigree na primeira ascendência, 73,78% na segunda e 67,75% na terceira, valores superiores aos encontrados neste trabalho, provavelmente, devido ao maior controle dos animais que compuseram o pedigree da amostra estudada.

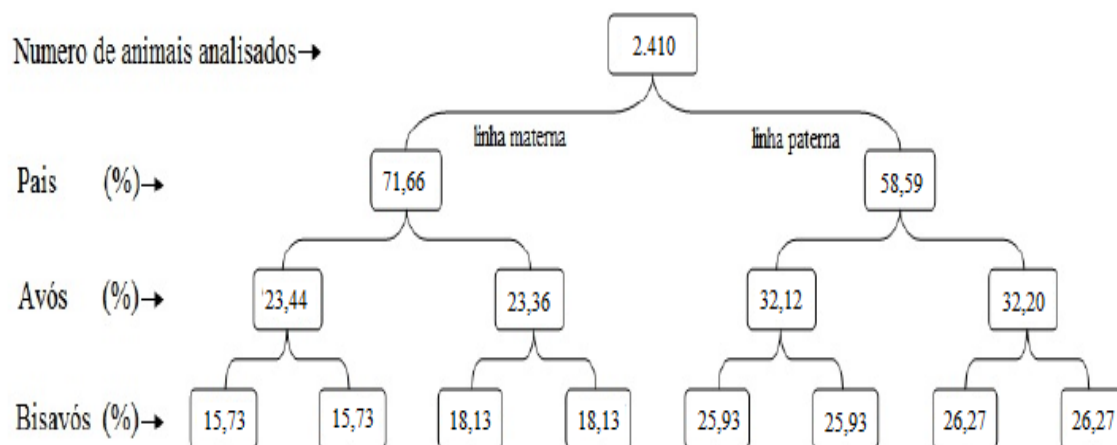


Figura 1 - Estrutura do pedigree da raça Santa Inês com percentual de pais, avós e bisavós conhecidos.

O coeficiente de endogamia médio calculado para a população foi igual a 0,0091 e sua variação ao longo das gerações máximas está representada na Figura 2. O animal que apresentou maior coeficiente de endogamia foi uma fêmea, com 0,3125. A taxa de endogamia, para geração máxima, geração completa e geração equivalente foi igual a 0,62%, 1,62% e 1,18%, respectivamente. O valor apresentado no aumento da taxa de endogamia para geração máxima foi menor se comparada com a geração completa e equivalente, pois há falta de informação no pedigree dos animais nas primeiras gerações, portanto esta estimativa pode estar subestimada. A ausência de endogamia verificada nas primeiras gerações pode ser devido ao número reduzido de ancestrais conhecidos, e não somente pela ausência de animais endogâmicos na população, o que afetou a estimativa desse parâmetro.

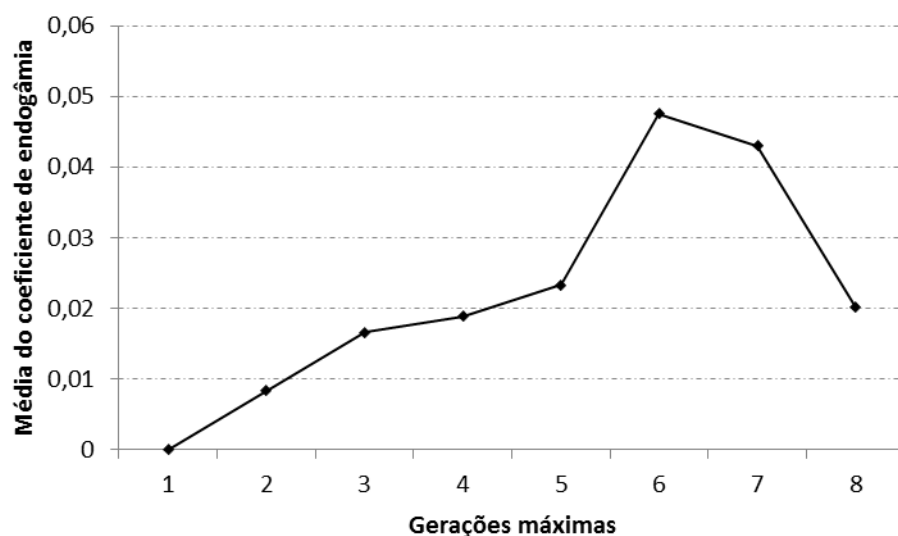


Figure 2. Coeficiente de endogamia médio (F) por gerações máximas.

Foram observados aumento no coeficiente de endogamia até a 6ª geração máxima e também aumento do parentesco médio e da porcentagem de animais endogâmicos até a 7ª geração máxima (Tabela 3). O aumento do coeficiente de endogamia com o parentesco médio era esperado, porque o parentesco médio é definido pela probabilidade de que um alelo escolhido aleatoriamente em uma população pertença a determinado animal. Assim, quanto maior a taxa de endogamia, ou seja, quanto maior a probabilidade de dois alelos do mesmo *locus* serem idênticos por descendência, maior será seu parentesco médio. As baixas estimativas encontradas (0,0000 a 0,0100) para o coeficiente de endogamia e de parentesco, para a maioria dos animais, foram atribuídos à compra de reprodutores em três fazendas, reduzindo, portanto o acasalamento entre animais aparentados.

O decréscimo observado no F médio dos animais endogâmicos entre a 6ª e 7ª geração se deve, provavelmente, a introdução de animais de origem genética diferente na população (Figura 2). Se admitirmos que o valor de F superior a 10% representa risco elevado para ocorrência de depressão por endogamia (Paiva et al., 2011), estas populações apresentaram médias dentro de limites satisfatórios. O tamanho efetivo relativo apresentou aumento de 60% da 3ª para a 4ª geração máxima enquanto que da 5ª para a 6ª geração máxima houve queda de 74% no tamanho efetivo relativo. Podemos observar que na geração máxima um (Tabela 3) o N é igual a 923, o coeficiente médio de

endogamia (F) é igual a zero e o N_e é igual ao N (923). No entanto, na geração máxima sete temos que o N é igual a 84, o F é diferente de zero (0,04) e o N_e também é igual ao N (84), e o mesmo podemos observar para a geração oito. Esta variação no F não modificou o tamanho efetivo populacional, pois o tamanho efetivo populacional leva em conta a variação do coeficiente médio de endogamia (ΔF) e não do coeficiente médio de endogamia (F) em si, ou seja, ΔF foi pequeno.

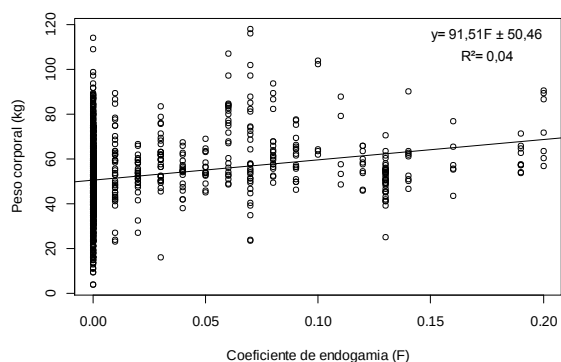
Tabela 3. Número de animais por geração (N), coeficiente médio de endogamia (F), porcentagem de animais endogâmicos (Endog %), coeficiente de endogamia médio para os animais endogâmicos (AE), parentesco médio (AR), tamanho efetivo da população (N_e) e tamanho efetivo relativo por geração máxima (N_e/N).

Geração	N	F	Endog (%)	AE	AR	N_e	N_e/N
Máxima							
1	923	0,00	0,00	0,00	0,01	923	1,00
2	90	0,01	5,56	0,15	0,01	60	0,66
3	96	0,02	12,50	0,13	0,01	59	0,61
4	118	0,02	19,49	0,10	0,02	116	0,98
5	235	0,02	29,36	0,08	0,02	109	0,46
6	163	0,05	55,83	0,09	0,02	20	0,12
7	84	0,04	64,29	0,07	0,02	84	1,00
8	33	0,02	18,18	0,11	0,02	33	1,00

A quantidade de reprodutores utilizados variou durante as gerações, oscilando a intensidade de seleção utilizada ao longo dos anos e a proporção de machos e fêmeas na estrutura de manejo reprodutivo, o que pode explicar a grande variação no N_e durante as gerações (Tabela 3). O coeficiente de endogamia para os animais que apresentaram valores fenotípicos para as características de PC, VG e OPG variaram de 0,00 a 0,20 (Figuras 3, 4, e 5). É possível verificar alta dispersão das observações, porém a análise estatística t mostrou-se significativa para o coeficiente de regressão para PC ($P = 2,2 \times 10^{-16}$) e OPG ($P = 0,016$), indicando que há relação entre a endogamia e estas

características e não significativa para VG ($P = 0,26$). Os registros aumentaram para PC e reduziram para OPG de maneira linear com o aumento do coeficiente de endogamia e das classes de coeficiente de endogamia (Figura 3 e 5).

(a)



(b)

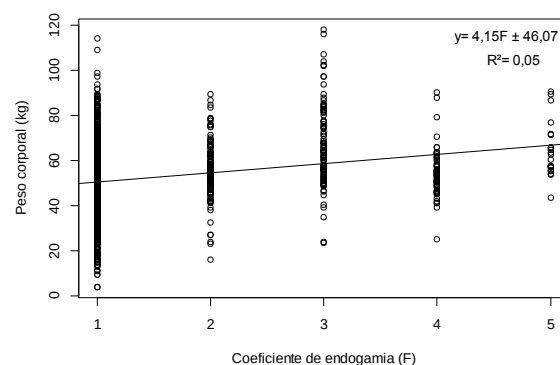
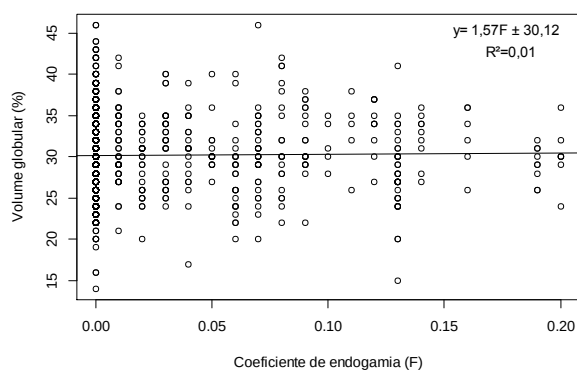


Figura 3. Variação dos valores fenotípicos de peso corporal (PC) em relação ao coeficiente de endogamia (a) e às classes de coeficiente de endogamia (b) em uma população de ovinos da raça Santa Inês.

(a)



(b)

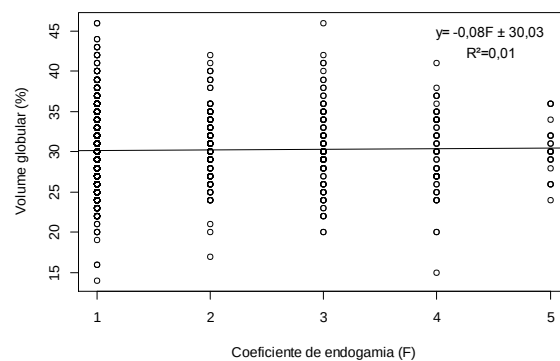
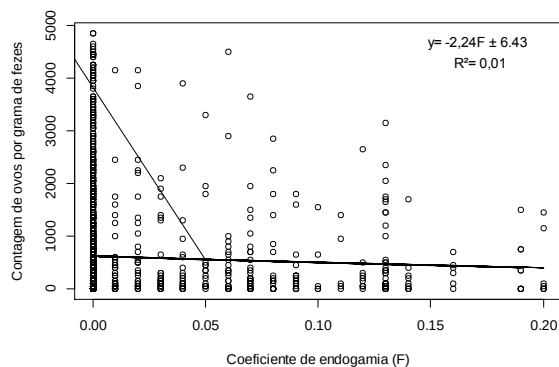


Figura 4. Variação dos valores fenotípicos de volume globular (VG) em relação ao coeficiente de endogamia (a) e às classes de coeficiente de endogamia (b) em uma população de ovinos da raça Santa Inês.

(a)



(b)

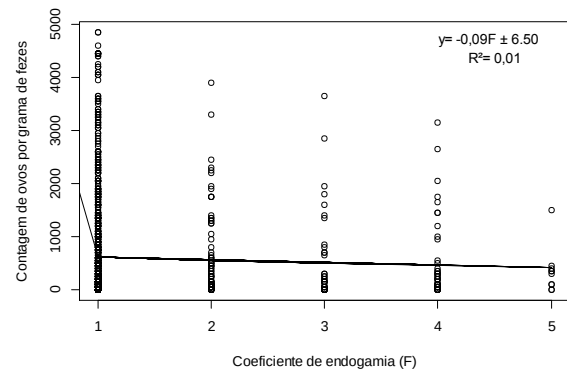


Figura 5. Variação dos valores fenotípicos de contagem de ovos por grama de fezes (OPG) em relação ao coeficiente de endogamia (a) e às classes de coeficiente de endogamia (b) em uma população de ovinos da raça Santa Inês.

CONCLUSÃO

Os baixos coeficientes de endogamia na população não afetaram o desempenho dos animais quanto ao peso corporal e a contagem de ovos por grama de fezes, evidenciando ausência de depressão endogâmica. Porém, recomenda-se manter o controle dos acasalamentos de animais aparentados, a fim de evitar aumento da endogamia na população estudada.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R.; CARNEIRO, A.P.S.; SILVA, F.F.; TORRES, R.A. A raça Indubrasil no Nordeste brasileiro: melhoramento e estrutura populacional. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.12, p.2327-2334, 2009.

CHARLESWORTH, D.; WILLIS, J.H. The genetics of inbreeding depression. **Nature Reviews Genetics**. v. 10, p. 783–796, 2009.

GOYACHE, F.; FERNÁNDEZ, I.; ESPINOSA, M.A.; PAYERAS, L.; PÉREZ-PARDAL, L.; GUTIÉRREZ, J.P.; ROYO, L.J.; ALVAREZ, I. Análisis demográfico y genético de la raza ovina Mallorquina. **ITEA**, v.106, n.1, p.3-14, 2010.

GUTIÉRREZ, J. P.; CAÑON, J.; RICO, M. Aplicacion de um metodo modificado de calculo del coeficiente de consanguinidad en una muestra del ganado vacuno Frison Español. **Archivos de Zootecnia**, Córdoba, v. 39, p. 3 – 8, 1990.

GUTIÉRREZ, J. P.; GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, Malden, v. 122, p. 172- 176, 2005.

MAIGNEL, L.; BOICHARD, D.; VERRIER, E. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. **Interbull Bulletin**, Uppsala, n. 14, p. 49-54, 1996.

MEUWISSEN, T, I.; LUO, Z, Computing inbreeding coefficients in large populations, **Genetics Selection Evolution**, Turquia, v. 24, p. 305-313, 1992.

PAIVA, S.R.; FACÓ, O.; FARIA, D. A. Molecular and pedigree analysis applied to 83 conservation of animal genetic resources: the case of Brazilian Somali hair sheep. *Tropical Animal Health and Production*, v. 43, p.1449–1457, 2011.

SANTANA JÚNIOR, M.L.; OLIVEIRA, P.S.; ELER, J.P.; GUTIÉRREZ, J. P.; FERRAZ, J.B.S. Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and Bonsmara breeds. **Journal of Animal Science** v.90, p.99–108, 2012.

TEIXEIRA NETO. M. R.; CRUZ. J. F.; CARNEIRO. P. L. S.; MALHADO, C, H, M, e Faria, H, H, N, Parâmetros populacionais da raça ovina Santa Inês no Brasil, Pesq, agropec. bras. vol.48, n.12, pp.1589-1595, 2013.

VERCESI FILHO, A.E.; FARIA, F.J.C.; MADALENA F.E.; JOSAHKIAN, L.A. Estrutura populacional do rebanho Tabapuã registrado no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, n.6, p. 609-617, 2002.

WRIGHT. S, Coefficients of inbreeding and relationship, The American Naturalist, Chicago, v. 56, n. 645, p. 330-338, 1922.

CAPITULO 3 – ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS PARA PESO CORPORAL E CARACTERÍSTICAS DE RESISTÊNCIA À VERMINOSE EM OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS UTILIZANDO MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

RESUMO: As medidas repetidas de peso corporal ao longo da vida do animal são utilizadas para descrever o crescimento dos animais sendo denominadas de medidas longitudinais. Além de características relacionadas à produção, a seleção também deve incluir características de resistência aos endoparasitas, pois os ovinos possuem grande susceptibilidade a infecções causadas por endoparasitas, o que limita consideravelmente o desempenho e rendimento econômico destes animais. Objetivou-se com este trabalho comparar estruturas (homogeneidade e heterogeneidade de variâncias) para modelar a variância residual em modelos de regressão aleatória e avaliar a influência desta modelagem na estimação de parâmetros genéticos a fim de determinar o modelo mais apropriado para estudar o crescimento e resistência à verminose em ovinos da raça Santa Inês. Foi utilizado um conjunto de dados com 2.159 registros de peso corporal oriundos de 753 animais, 1.468 registros de volume globular oriundos de 476 animais e 981 registros de contagem de ovos nas fezes oriundos de 375 ovinos da raça Santa Inês entre 30 a 900 dias de idade medidos mensalmente. As estimativas dos componentes de variância foram obtidas por meio de modelo unicaracterística de regressão aleatória pelo método de máxima verossimilhança restrita utilizando polinômios de Legendre. O polinômio de Legendre de ordem 3 (intercepto, linear e quadrático) proporcionou o melhor ajuste dos dados para as características estudadas. A seleção dos animais poderia ser feita com base no peso corporal a partir de 271 dias de idade, pois a estimativa de herdabilidade foi moderada, 0,23 (0,03), e foram altas as correlações genéticas com a maioria dos pesos corporais nas demais idades. A seleção destes animais para resistência a verminose se realizada poderá resultar em baixa eficiência devido às baixas estimativas de herdabilidade para o volume globular ($0,09 \pm 0,01$ a $0,18 \pm 0,02$) e contagem de ovos por grama de fezes ($0,01 \pm 0,02$ a $0,17 \pm 0,03$), portanto, o ganho genético será a longo prazo.

Palavras-chave: AIREML, BIC, polinômios de Legendre.

INTRODUÇÃO

O peso corporal em ovinos é uma das características mais importantes para a produção de carne e deve ser levado em conta na avaliação genética dos animais. Sabe-se que quando o peso corporal é medido em várias idades do mesmo animal essas medidas são dependentes, pois o peso em determinada idade está associado geneticamente com o peso corporal em outras idades (anteriores e posteriores). Assim, a avaliação genética desta característica e outras, medidas ao longo do tempo, pode ser feita por meio de modelos de regressão aleatória (MRA) (KIRKPATRICK et al., 1994). Sabendo que as medidas são correlacionadas, é de interesse para um programa de melhoramento genético o conhecimento das correlações genéticas entre as medidas de pesos corporais, uma vez que a seleção para uma delas poderá promover mudanças nas demais (SARMENTO et al., 2006).

Características relacionadas à resistência à endoparasitas gastrointestinais também devem ser consideradas em programas de melhoramento genético de ovinos. Em um rebanho, a proporção de animais resistentes, resilientes e susceptíveis varia em função da raça e da idade dos animais. A raça tem grande influência nestas proporções como demonstrado por Amarante (2004), dado que a raça Santa Inês mostrou-se mais resistente à infecção por endoparasitas, quando comparada à raça Suffolk.

A utilização em grande escala de anti-helmínticos tem aumentado os casos de resistência dos endoparasitas aos diferentes princípios ativos e gerado uma demanda por alternativas de controle não-químico, como a seleção de animais que são geneticamente resistentes aos endoparasitas. Para a quantificação da carga parasitária em pequenos ruminantes, os marcadores fenotípicos podem ser: (a) parasitológico: por meio da contagem de ovos por grama de fezes (OPG) (THOMAZ-SOCCOL et al., 2004), (b) hematológico: por meio do número de eosinófilos circulantes no sangue (EOSI) (MENDES et al., 2000; BALIC et al., 2006) e do volume globular (VG) (BULL et al., 2003; TAYLOR et al., 2010).

A seleção de animais menos susceptíveis aos endoparasitas é de grande importância para que possamos formar um rebanho de animais que possua tolerância (resistência) a esses endoparasitas. No caso da resistência,

a resposta imunológica limita o estabelecimento do parasito. No caso da resiliência, os animais são capazes de conviver com os parasitas com redução mínima de produtividade (ALBERS et al., 1987).

Objetivou-se com este trabalho comparar estruturas (homogeneidade e heterogeneidade de variâncias) para modelar a variância residual em modelos de regressão aleatória e determinar o modelo mais apropriado para estudar crescimento e resistência à verminose em ovinos da raça Santa Inês.

MATERIAL E MÉTODOS

1. Caracterização dos dados e das características

Foram utilizadas medidas de peso corporal (PC), volume globular (VG) e contagem de ovos por grama de fezes (OPG) de animais da raça Santa Inês. O banco de dados continha 2.159 registros de peso corporal oriundos de 753 animais, 1.468 registros de volume globular oriundos de 476 animais e 981 registros de contagem de ovos por grama de fezes oriundos de 375 ovinos da raça Santa Inês entre 30 a 900 dias de idade medidos mensalmente. O arquivo genealógico foi composto por 2.410 animais. Os dados pertencem a cinco fazendas da região Sudeste do Brasil, com localizações nos municípios de Cravinhos (21°20'25"), Jardinópolis (21° 01' 04"), Nova Odessa (22°46'39"), Pontal (21°01'21") e Serrana (21°12'41"). Estes municípios se caracterizam por apresentar clima tropical, com duas estações bem definidas. A colheita dos dados foi realizada mensalmente no período de julho de 2013 a outubro de 2014.

Os animais foram pesados em balança eletrônica. As fezes foram colhidas diretamente da ampola retal e submetidas, individualmente, à contagem de ovos por grama de fezes (OPG) e o número de ovos encontrado nas duas áreas da câmara de McMaster foi multiplicado por 50.

Amostras de sangue foram colhidas por meio da punção da veia jugular em tubos de vacutainer de 5 mL contendo solução de ácido etilenodiaminotetracético potássio (EDTA) a 1%. A determinação do volume globular (VG) foi realizada pela técnica de centrifugação por micro hematócrito (SCHALM et al., 1975).

2. Análises estatísticas

A partir do método dos quadrados mínimos foram definidos grupos de contemporâneos (GC) para as características estudadas (PC, VG e OPG):

- Peso corporal: fazenda (cinco propriedades), sexo, ano de nascimento e mês de nascimento.
- Volume Globular: fazenda (cinco propriedades) e ano de colheita de dados.
- Contagem de ovos por grama de fezes: estação de pesagem (chuva = outubro a março, seca = abril a setembro) e fazenda (cinco propriedades).

Para melhorar a qualidade do arquivo de dados foram estabelecidas algumas restrições. Os registros sem a data de nascimento ou aqueles que não possuíam dados fenotípicos para as características estudadas, além das observações de animais que não possuíam, pelo menos, dois registros para cada característica ao longo de sua vida foram excluídos do banco de dados. Foram mantidos os grupos de contemporâneos que apresentaram pelo menos três registros. As descrições do arquivo de pedigree e as estatísticas descritivas (Apêndice 1 e 4) do arquivo de dados, após a edição, estão nas Tabelas 1 e 2, respectivamente. A edição do arquivo de dados e as estatísticas descritivas foram realizadas no software R (Development Core Team, 2010).

Tabela 1. Descrição da estrutura do arquivo de dados e do pedigree.

Conjunto de dados	N		
	PC	VG	OPG
Número de animais com registros	753	476	375
Número de grupos de contemporâneos	181	90	42
Arquivo de pedigree		N	
Animais com registros		753	
Animais sem registros		1.657	
Número de reprodutores		131	
Número de Matrizes		276	

*PC: Peso Corporal; VG: Volume Globular e OPG: Contagem de ovos por grama de fezes.

Tabela 2. Número de observações (N), Médias ($\bar{x}$), desvios-padrão (S) de peso corporal (PC), volume globular (VG) e contagem de ovos por grama de fezes (OPG) por classe de idade (CI) para ovinos da raça Santa Inês.

CI	PC			VG			OPG		
	N	$\bar{x}$	S	N	$\bar{x}$	S	N	$\bar{x}$	S
CI90	110	19,97	13,14	140	30,98	4,43	70	1.623,50	43,98
CI180	390	28,30	14,56	130	31,14	4,15	135	964,00	31,49
CI270	365	37,53	13,87	160	31,18	4,41	122	919,00	35,70
CI360	282	43,56	13,16	65	30,24	3,38	139	1.460,00	43,04
CI450	181	53,53	17,81	100	29,89	3,56	112	1.575,50	92,90
CI540	214	45,83	12,98	65	29,79	4,54	130	1.602,50	44,44
CI630	182	40,00	16,78	100	29,52	3,81	76	1.129,50	39,26
CI720	150	47,50	14,76	325	29,12	4,11	69	1.153,00	42,77
CI810	134	51,56	11,46	268	28,83	3,80	75	1.348,00	61,05
CI900	151	56,24	14,49	115	29,44	3,04	53	869,00	26,79

CI90 = 30 até 90 dias de idade; CI180 = 91 até 180 dias de idade; CI270 = 181 até 270 dias de idade; CI360 = 271 até 360 dias de idade; CI450 = 361 até 450 dias de idade; CI540 = 451 até 540 dias de idade; CI630 = 541 até 630 dias de idade; CI720 = 631 até 720 dias de idade; CI810 = 721 até 810 dias de idade; CI900 = 811 até 900 dias de idade.

3. Seleção do melhor modelo para estimação de parâmetros genéticos e ambientais

As análises foram realizadas utilizando modelo unicaracterística de regressão aleatória. O modelo incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (GC) e a covariável idade do animal, em dias, no dia da colheita dos dados, para modelar a curva média populacional para as características avaliadas. Os efeitos aleatórios nos modelos foram o efeito genético-aditivo, de ambiente permanente do animal e o residual. As pressuposições para a análise de variância (normalidade dos resíduos e homogeneidade de variâncias) foram verificadas e observações cujo resíduo padronizado apresentava-se acima ou abaixo de 3,5 desvios-padrão foram excluídas das análises.

A característica contagem de ovos por grama de fezes, por não apresentar distribuição normal, foi analisada e transformada de quatro formas diferentes (Apêndice 2):

- 1) Transformação por raiz quadrada.
- 2) Transformação por raiz cubica.
- 3) Transformação por log (OPG+1).
- 4) Transformação por Box Cox.

A transformação para a escala logarítmica, utilizando a fórmula (OPG = log (OPG +1)) foi a escolhida de forma visual para este trabalho (Apêndice 2d), pois resultou em melhor aproximação da distribuição normal dos resíduos do que as demais. Antes de realizar as transformações dos dados de OPG houve uma tentativa de estimar parâmetros genéticos, mas não houve convergência (10^{-6}).

Os efeitos genético-aditivo e de ambiente permanente do animal foram estimados utilizando modelo de regressão aleatória (MRA) com polinômios de Legendre para as características estudadas. O MRA proposto pode ser expresso como:

$$y = X\beta + Za + Wc + \varepsilon$$

em que y é o vetor de n observações mensais das variáveis resposta, β é o vetor de efeitos fixos e covariáveis; a e c são os vetores dos efeitos genético-

aditivo e de ambiente permanente do animal dos coeficientes do MRA, e ε é o vetor de resíduos aleatórios; $\mathbf{X}$, $\mathbf{Z}$ e $\mathbf{W}$ são matrizes de incidência para os efeitos fixos, genético-aditivo e de ambiente permanente, respectivamente.

As pressuposições do MRA são:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; V \begin{bmatrix} a \\ c \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} K_a \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & K_c \otimes I_{N_A} & 0 \\ 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

Em que: $\mathbf{K}_a$ e $\mathbf{K}_c$ são as matrizes de (co)variância entre os coeficientes do MRA para os efeitos genético-aditivo e de ambiente permanente do animal, respectivamente; $\mathbf{A}$ é a matriz de parentesco; $\mathbf{I}$ é a matriz de incidência; $\mathbf{N}_A$ é o número de animais com registros; $\otimes$ é o produto de Kronecker; e $\mathbf{R}$ é a matriz diagonal com as variâncias residuais. Neste modelo, assume-se que não existe correlação entre os coeficientes genético-aditivos e de ambiente permanente do animal do MRA.

Os componentes de (co)variância para as características foram estimados pelo método de máxima verossimilhança restrita, utilizando o programa computacional WOMBAT (MEYER, 2007), com o algoritmo AIREML que possibilita o cálculo das estimativas dos componentes de variância (Apêndice 3), das estimativas de herdabilidade e das proporções da variância fenotípica explicada pelo efeito de ambiente permanente em cada classe de idade (FISCHER et al., 2004).

Para as análises de regressão aleatória foram utilizados polinômios ortogonais de Legendre sobre a idade à colheita dos dados, sendo incluída como efeito fixo no modelo para modelar a curva média da população. Para as análises dos dois efeitos aleatórios, genético aditivo e de ambiente permanente do animal, foram utilizadas as ordens 2 (intercepto e linear) e 3 (intercepto, linear e quadrático) de polinômios de Legendre para a peso corporal, ordens 2 (intercepto e linear), 3 (intercepto, linear e quadrático) e 4 (intercepto, linear, quadrático e cúbico) de polinômios de Legendre para volume globular e ordens 2 (intercepto e linear) e 3 (intercepto, linear e quadrático) de polinômios de Legendre para contagem de ovos por grama de fezes. O melhor modelo foi escolhido com base no critério da informação bayesiana (BIC).

Análises de repetibilidade das características de resistência à verminose (VG e OPG) foram realizadas com o intuito de comparar os modelos e encontrar as melhores estimativas de parâmetros. O modelo de repetibilidade utilizado foi:

$$y = Xb + Za + Wc + e$$

Em que: **y** é o vetor das variáveis dependentes, **b** é o vetor de solução dos efeitos fixos (grupos de animais de mesma geração); **a** efeito genético aditivo direto, **c** é o efeito de ambiente permanente do animal e **e** é o vetor de efeitos aleatórios residuais. **X**, **Z** e **W** são matrizes de incidência para os efeitos fixos, genético-aditivo e de ambiente permanente, respectivamente.

Os cálculos dos coeficientes de repetibilidade e herdabilidade para as características de resistência a verminose (VG e OPG) foram realizados por meio do método de máxima verossimilhança restrita (REML), sob modelo animal, em análise unicaracterística, utilizando o programa computacional WOMBAT (MEYER, 2007). Os valores iniciais requisitados pelo programa procederam das análises de variância e da literatura. O critério de convergência das análises foi estipulado em 10^{-6} .

RESULTADOS E DISCUSSÃO

1. Escolha do melhor modelo para estimação de parâmetros genéticos e ambientais

Os resultados dos testes realizados para avaliar a qualidade de ajuste dos modelos estudados são descritos nas Tabelas 3, 4 e 5.

Nove diferentes MRA foram comparados para a característica peso corporal, a fim de identificar a melhor ordem dos polinômios de Legendre para os efeitos aleatórios genético-aditivo e de ambiente permanente do animal (Tabela 3). O modelo seis apresentou o menor valor de BIC, com k_a e $k_p = 3$ (intercepto, linear e quadrático) e cinco classes de variância residual. Como esperado, os modelos considerando homogeneidade de variâncias residuais (modelos 1 e 2) apresentaram o pior ajuste segundo o BIC, indicando que as variâncias residuais foram distintas no decorrer do crescimento dos animais.

Dentre os nove modelos testados para volume globular (Tabela 4) e sete modelos testados para contagem de ovos por grama de fezes o melhor modelo para ambas às características foi o modelo 1 segundo o critério de BIC. O modelo 1 é o modelo menos parametrizado (14 parâmetros) e apresenta k_a e k_p = 3 (intercepto, linear e quadrático) e 2 classes de variância residual (Tabela 4 e 5). Os modelos considerando homogeneidade de variâncias residuais para as VG e OPG não foram apresentados, pois não atingiram o critério de convergência (10^{-6}), indicando que o modelo considerando variâncias residuais distintas no decorrer do crescimento dos animais possui melhor ajuste para estas características.

O polinômio de Legendre de ordem 3 (intercepto, linear e quadrático) proporcionou o melhor ajuste dos dados para as três características estudadas. Em geral, polinômios de Legendre cúbicos (ALBUQUERQUE; MEYER, 2001), ou quárticos (SANTORO et al., 2005) têm sido satisfatórios para modelar a trajetória de crescimento de zebuínos de 18 a 24 meses de idade.

Tabela 3. Modelos, ordens do polinômio para efeitos genéticos aditivo direto (k_a), de ambiente permanente do animal (k_p), classes de resíduo (ϵ), número de parâmetros (nP) e critério de informação de bayesiana (BIC) para os modelos considerados para peso corporal.

Modelo	k_a, k_p, ϵ	nP	BIC
1	3,3,1	13	7.805,34
2	4,3,1	17	7.827,60
3	3,3,2	14	7.567,14
4	3,3,3	15	7.563,70
5	3,3,4	16	7.570,88
6	3,3,5	17	7.559,46
7	4,3,4	20	7.594,79
8	4,3,5	21	7.579,11
9	4,4,5	25	7.612,26

Tabela 4. Modelos, ordens do polinômio para efeitos genéticos aditivo direto (k_a), de ambiente permanente do animal (k_p), classes de resíduo (ϵ), número de parâmetros (nP) e critério de informação bayesiana (BIC) para os modelos considerados para volume globular.

Modelo	k_a, k_p, ϵ	nP	BIC
1	3,3,2	14	4.598,56
2	3,3,3	15	4.611,26
3	3,3,4	16	4.617,12
4	3,3,5	17	4.622,49
5	4,3,2	18	4.627,04
6	4,3,3	19	4.634,66
7	4,3,4	20	4.641,06
8	5,3,2	23	4.660,88
9	5,3,3	24	4.669,09
10	Rep1VG	3	6.463,99

*Modelo Rep1VG= Modelo de repetibilidade.

Tabela 5. Modelos, ordens do polinômio para efeitos genéticos aditivo direto (k_a), de ambiente permanente do animal (k_p), classes de resíduo (ϵ), número de parâmetros (nP) e critério de informação de bayesiana (BIC) para contagem de ovos por grama de fezes.

Modelo	k_a, k_p, ϵ	nP	BIC
1	3,3,2	14	3.152,71
2	3,3,3	15	3.944,25
3	3,3,4	16	4.219,74
4	3,3,5	17	3.202,39
5	4,3,2	18	4.357,04
6	4,3,5	21	4.921,64
7	Rep1OPG	3	3.181,69

*Modelo Rep1OPG= Modelo de repetibilidade com a transformação Log (OPG+1).

As estimativas de herdabilidade (Figura 1) e respectivos erros-padrão entre parênteses para PC variaram de 0,01 (0,04) a 0,40 (0,03) e apresentaram baixa magnitude até os 270 dias de idade e aumento após essa idade. As estimativas de herdabilidade mais elevadas, 0,40 (0,03), foram encontradas nas classes de idade CI540, CI810 e CI900. Lewis e Brotherstone (2002) estudando cordeiros da raça Suffolk encontraram estimativas de herdabilidade que variaram de 0,11 a 0,39 para peso corporal. Trabalhando com ovinos da raça Santa Inês, Sarmento (2003) encontrou que a variação das estimativas de herdabilidade foi crescente do nascimento aos 196 dias de idade e as estimativas variaram de 0,003 a 0,65 para peso corporal, o que também foi verificado neste trabalho. As estimativas da proporção da variância de ambiente permanente do animal em relação à variância fenotípica total (c^2) foram de baixa magnitude para PC. Assim, essas estimativas indicaram que grande parte da variação ambiental do peso corporal verificada neste trabalho é causada pelos efeitos de ambiente temporário.

A característica VG apresentou estimativas de herdabilidade variando de 0,09 (0,01) a 0,18 (0,03) ao longo do período estudado. Observa-se que ao longo do tempo as magnitudes foram diminuindo, até chegar a 0,09 (0,01) aos 900 dias de idade (Figura 1). Para c^2 houve um pico no início da vida do animal e outro com 900 dias de idade. Entre 270 e 360 dias de idade as estimativas de c^2 foram muito próximos de zero.

Para característica OPG, estimativas de herdabilidade aditiva direta (h^2) foram decrescentes, 0,17 (0,03) para 0,01 (0,02), durante o período estudado (Figura 1). A c^2 variou entre 0,001 (0,00) a 0,13 (0,03) ao longo do intervalo estudado e foi registrado 0,13 (0,03) na última classe de idade.

Neste estudo foi possível observar que a seleção de animais para reduzir infecções de endoparasitas seria pouco eficiente devido às baixas estimativas de herdabilidade para VG e OPG. Vieira et al. (1997), trabalhando com caprinos Crioulos, encontraram resultados diferentes para resposta à resistência a verminose, pois segundo os autores a resistência torna-se maior conforme o animal adquire mais idade. Segundo Amarante (2004), a habilidade com que esses pequenos ruminantes adquirem e também expressam a imunidade contra o *Haemonchus contortus* é direcionada para as futuras gerações. Vanimisetti et al. (2004) encontraram estimativas de herdabilidade

para OPG de 0,25, 0,22, 0,20, 0,07 e 0,00, respectivamente, em três, quatro, cinco, seis e sete semanas após um desafio artificial, em pequenos ruminantes infectados com *Haemonchus contortus*.

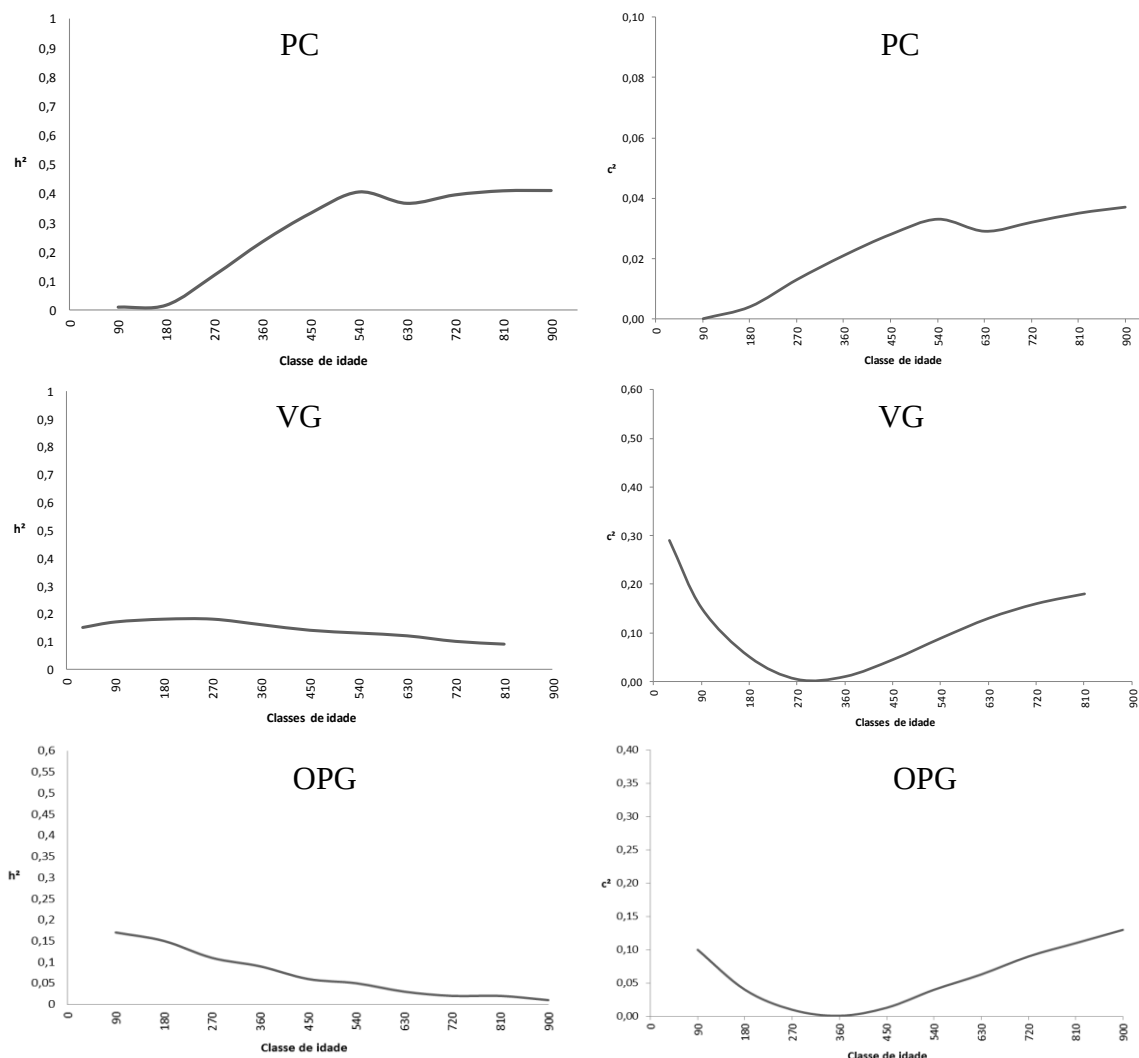


Figura 1. Estimativas de herdabilidade aditiva direta (h^2) e variância de ambiente permanente do animal como proporção da variância fenotípica total (c^2) para peso corporal (PC), volume globular (VG) e contagem de ovos por grama de fezes (OPG).

Diversos autores encontraram estimativas de h^2 para as características estudadas neste trabalho e com diferentes magnitudes, incluindo as magnitudes verificadas neste trabalho. Bishop et al. (2004), estudando a herança da resistência de infecções de endoparasitas em cordeiros Texel no

Reino Unido, encontraram estimativas de herdabilidade para OPG variando de 0,26 a 0,38. Trabalhando com ovinos Sulfdock e Texel, Sayers et al. (2005) observaram estimativas de herdabilidade de OPG entre 0,14 a 0,44. Prince et al. (2010) encontraram estimativas de herdabilidade de 0,15 para OPG em pequenos ruminantes infeccionados com *Haemonchus contortus*. Assenza et al. (2014) observaram estimativas de herdabilidade para OPG relacionadas a resistência de pequenos ruminantes à infecção artificial de *Haemonchus contortus*: 0,10 a 0,15 (antes da infecção), 0,21 a 0,38 (durante a primeira infecção) e 0,48 a 0,55 (durante a segunda infecção).

Gauly e Erhardt (2001), estudando a resistência de ovinos da raça Rhön contra endoparasitas gastrintestinais, verificaram que a estimativa de herdabilidade de OPG variou entre 0,11 a 0,48, e as estimativas de herdabilidade para VG oscilaram de 0,19 a 0,26, o que seria suficiente para realizar seleção para resistência a verminose destes animais. Lôbo et al. (2009), trabalhando com animais da mesma raça deste estudo encontraram estimativas variáveis para a herdabilidade de OPG em ovinos da raça Santa Inês: 0,04 a 0,27 em um 1º desafio natural com endoparasitas gastrintestinais e 0,01 a 0,52 em um 2º desafio também natural. Os mesmos autores encontraram para VG, estimativas de herdabilidade de 0,31 (1º desafio) e 0,12 (2º desafio). Mandonnet et al. (2001) realizaram um estudo sobre a variabilidade genética da resistência ao endoparasitismo de caprinos da raça Créole durante a desmama, em que as estimativas de herdabilidade para OPG foram de 0,37 e para VG variaram de 0,10 a 0,33.

Neste trabalho, as estimativas de correlações genéticas para peso corporal variaram de -0,88 (0,01) a 1,00 (0,00) (Tabela 6). Lewis e Brotherstone (2002) encontraram estimativas de correlações genéticas para peso corporal que variaram de 0,39 a 1,00 para cordeiros Sullfock do nascimento até os 150 dias de idade. Fischer et al. (2004) estimaram correlações genéticas entre pesos corporais para cordeiros da raça Poll Dorset que variaram de 0,28 a 0,97.

As altas estimativas de correlação genética entre pesos corporais nas classes de idade adjacentes encontradas neste trabalho indicam que a seleção em uma das idades resultaria em ganhos genéticos nas idades subsequentes (Tabela 6). A seleção dos animais poderia ser feita com base no peso corporal

a partir de 271 dias de idade (CI360), pois a estimativa de herdabilidade foi 0,23 (0,03), a partir dessa idade, as estimativas de correlações genéticas são positivas e de alta magnitude ($0,98 \pm 0,01$ a $1,00 \pm 0,00$) com a maioria dos pesos corporais medidas nas demais idades, exceto com a classe de 30 a 90 dias de idade.

A classe de 30 a 90 dias de idade apresentou estimativas de correlações genéticas negativas com todas as demais classes de idade (Tabela 6). Acredita-se que estas estimativas tenham apresentado valores negativos devido à quantidade de dados na primeira classe de idade não ter sido suficiente para que o modelo se ajustasse corretamente, ocasionando estimativas de correlações genéticas negativas que variaram de -0,88 (0,01) a -0,78 (0,02) e estimativa de herdabilidade baixa de 0,01 (0,04).

Tabela 6. Estimativas de herdabilidade na diagonal, correlações genéticas acima da diagonal e correlações ambientais abaixo da diagonal para peso corporal (PC), em ovinos Santa Inês, por classe de idade (CI).

CI	CI90	CI180	CI270	CI360	CI450	CI540	CI630	CI720	CI810	CI900
CI90	0,01 (0,04)	-0,79 (0,00)	-0,87 (0,01)	-0,88 (0,01)	-0,88 (0,01)	-0,87 (0,01)	-0,86 (0,00)	-0,84 (0,01)	-0,82 (0,04)	-0,78 (0,02)
CI180	-0,88 (0,02)	0,02 (0,02)	0,99 (0,07)	0,99 (0,04)	0,99 (0,03)	0,99 (0,03)	0,99 (0,03)	1,00 (0,00)	1,00 (0,00)	1,00 (0,00)
CI270	-0,86 (0,03)	0,99 (0,11)	0,12 (0,05)	1,00 (0,00)	1,00 (0,00)	1,00 (0,00)	1,00 (0,00)	1,00 (0,00)	1,00 (0,00)	0,99 (0,01)
CI360	-0,85 (0,10)	0,99 (0,10)	1,00 (0,00)	0,23 (0,03)	1,00 (0,00)	1,00 (0,00)	1,00 (0,00)	1,00 (0,00)	0,99 (0,01)	0,98 (0,01)
CI450	-0,85 (0,12)	0,99 (0,02)	1,00 (0,00)	1,00 (0,00)	0,33 (0,03)	1,00 (0,00)	1,00 (0,00)	1,00 (0,00)	0,99 (0,01)	0,99 (0,02)
CI540	-0,86 (0,04)	0,99 (0,06)	1,00 (0,00)	1,00 (0,00)	1,00 (0,00)	0,40 (0,03)	1,00 (0,00)	1,00 (0,00)	1,00 (0,00)	0,99 (0,01)
CI630	-0,87 (0,11)	0,99 (0,16)	1,00 (0,00)	0,99 (0,02)	0,99 (0,07)	1,00 (0,00)	0,36 (0,03)	1,00 (0,00)	1,00 (0,00)	0,99 (0,01)
CI720	-0,88 (0,12)	0,99 (0,02)	0,99 (0,08)	0,99 (0,07)	0,99 (0,03)	0,98 (0,03)	0,99 (0,16)	0,39 (0,03)	1,00 (0,00)	1,00 (0,00)
CI810	-0,90 (0,07)	0,99 (0,08)	0,99 (0,04)	0,98 (0,13)	0,99 (0,17)	0,98 (0,05)	0,99 (0,12)	1,00 (0,00)	0,40 (0,03)	1,00 (0,00)
CI1900	-0,92 (0,03)	0,98 (0,04)	0,98 (0,05)	0,98 (0,15)	0,98 (0,13)	0,98 (0,08)	0,98 (0,10)	0,99 (0,02)	0,99 (0,02)	0,40 (0,03)

CI90 = 30 a 90 dias de idade CI180= 91 a 180 dias de idade, CI240= 181 a 270 dias de idade, CI360= 271 a 360 dias de idade, CI450= 361 a 450 dias de idade, CI540= 451 a 540 dias de idade, CI541= 541 a 630 dias de idade, CI720= 631 a 720 dias de idade, CI810= 721 a 810 dias de idade, CI900= 811 a 900 dias de idade. Erros- padrão das estimativas estão entre parênteses.

As estimativas de correlações genéticas para VG nas diferentes classes de idades foram todas positivas e variaram de 0,84 (0,28) a 1,00 (0,00) (Tabela 7). Observou-se que quanto mais próxima às classes de idade maior a estimativa de correlação genética e, à medida que o intervalo entre as classes de idade aumentaram, houve redução das estimativas de correlações genéticas. Portanto, a seleção em uma das idades resultaria em ganhos genéticos nas idades subsequentes (Tabela 7). No entanto, a seleção desta característica, para estes animais, se torna difícil devido a baixa estimativa de herdabilidade ($0,09 \pm 0,02$ a $0,18 \pm 0,01$) em todas as classes de idade.

Tabela 7. Estimativas de herdabilidade na diagonal, correlações genéticas acima da diagonal e correlações ambientais abaixo da diagonal para volume globular (VG), em ovinos Santa Inês, por classe de idade (CI).

CI	CI90	CI180	CI270	CI360	CI450	CI540	CI630	CI720	CI810	CI900
CI90	0,15 (0,05)	1,00 (0,00)	0,99 (0,01)	0,98 (0,03)	0,96 (0,06)	0,94 (0,08)	0,92 (0,11)	0,90 (0,15)	0,87 (0,21)	0,84 (0,28)
CI180	0,99 (0,07)	0,17 (0,04)	1,00 (0,00)	0,99 (0,01)	0,98 (0,02)	0,97 (0,03)	0,95 (0,06)	0,93 (0,08)	0,91 (0,12)	0,88 (0,16)
CI270	0,99 (0,08)	0,99 (0,06)	0,18 (0,03)	1,00 (0,00)	0,99 (0,01)	0,98 (0,02)	0,97 (0,03)	0,95 (0,05)	0,93 (0,07)	0,91 (0,10)
CI360	0,82 (0,09)	0,84 (0,07)	0,88 (0,05)	0,18 (0,02)	1,00 (0,00)	0,99 (0,01)	0,98 (0,01)	0,97 (0,02)	0,96 (0,03)	0,94 (0,05)
CI450	0,94 (0,07)	0,92 (0,08)	0,89 (0,04)	0,55 (0,03)	0,16 (0,01)	1,00 (0,00)	0,99 (0,01)	0,98 (0,01)	0,97 (0,02)	0,96 (0,03)
CI540	0,99 (0,19)	0,98 (0,06)	0,96 (0,04)	0,71 (0,06)	0,98 (0,07)	0,14 (0,01)	1,00 (0,00)	0,99 (0,01)	0,98 (0,02)	0,97 (0,02)
CI630	0,99 (0,12)	0,99 (0,08)	0,98 (0,04)	0,75 (0,08)	0,97 (0,06)	0,99 (0,05)	0,13 (0,01)	1,00 (0,00)	0,99 (0,01)	0,98 (0,02)
CI720	0,99 (0,05)	0,99 (0,04)	0,98 (0,13)	0,78 (0,07)	0,96 (0,04)	0,99 (0,03)	0,99 (0,07)	0,12 (0,01)	1,00 (0,00)	0,99 (0,01)
CI810	0,99 (0,08)	0,99 (0,07)	0,98 (0,11)	0,78 (0,80)	0,95 (0,06)	0,99 (0,07)	0,98 (0,06)	0,99 (0,06)	0,10 (0,01)	1,00 (0,00)
CI1900	0,99 (0,08)	0,99 (0,09)	0,99 (0,13)	0,80 (0,07)	0,94 (0,04)	0,99 (0,08)	0,99 (0,07)	0,99 (0,07)	0,99 (0,04)	0,09 (0,01)

CI90 = 30 a 90 dias de idade CI180= 91 a 180 dias de idade, CI240= 181 a 270 dias de idade, CI360= 271 a 360 dias de idade, CI450= 361 a 450 dias de idade, CI540= 451 a 540 dias de idade, CI541= 541 a 630 dias de idade, CI720= 631 a 720 dias de idade, CI810= 721 a 810 dias de idade, CI900= 811 a 900 dias de idade. Erros-padrão das estimativas estão entre parênteses.

Assenza et al. (2014) encontraram para VG em diferentes idades estimativas de correlação genéticas iguais a -0,21 durante a primeira infestação artificial de *Haemonchus contortus* em pequenos ruminantes, mas durante a segunda infestação a estimativa de correlação foi de -0,41.

O coeficiente de repetibilidade do VG foi de 0,29 (Tabela 8). O coeficiente de repetibilidade de uma característica pode ser definido como a correlação entre as medidas consecutivas em um mesmo indivíduo (Falconer, 1989). Quanto maior a repetibilidade de uma característica, maior a confiança em tomar só um registro dessa característica. A estimativa do coeficiente de repetibilidade do volume globular apresentou baixa magnitude para esta

característica no intervalo de tempo estudado. Quirino et al. (2011) encontraram coeficiente de repetibilidade de 0,88 para VG em ovinos da raça Santa Inês.

Tabela 8. Estimativas dos componentes de variância, coeficientes de herdabilidade e repetibilidade para volume globular (VG) com seus respectivos erros-padrão, analisados como medidas repetidas do animal.

Modelo	σ^2_a	σ^2_{pe}	σ^2_p	σ^2_e	c^2	h^2	t
Rep1VG	5,12±0,07	0,061±0,08	17,77±0,07	12,64±,07	0,00±0,00	0,29±0,10	0,29

σ^2_a variância aditiva direta; σ^2_{pe} variância do ambiente permanente do animal
 σ^2_p variância fenotípica; σ^2_e variância residual; c^2 proporção da variância fenotípica devido ao efeito de ambiente permanente do animal; h^2 coeficiente de herdabilidade; t coeficiente de repetibilidade.

As estimativas de correlações genéticas para OPG foram todas positivas e variaram de 0,98 (0,09) a 1,00 (0,00) (Tabela 9), tendo maiores magnitudes do que as encontradas para VG. Mesmo a menor correlação encontrada neste trabalho foi de alta magnitude, 0,98 (0,09). Portanto, a seleção em uma das idades também resultaria em ganhos genéticos nas idades subsequentes. No entanto, a baixa estimativa de herdabilidade (0,01±0,02 a 0,17±0,03) faz com que a seleção para esta característica, assim como para VG, seja pouco eficiente.

Pollott et al. (2004) encontraram estimativa de correlação genética de - 0,63 para OPG em diferentes idades. Assenza et al. (2014) encontraram estimativas de correlações genéticas para OPG, em diferentes idades, iguais a zero durante a primeira infecção artificial de *Haemonchus contortus* em pequenos ruminantes, mas durante a segunda infestação a estimativa foi de - 0,48. Estudando a resistência à endoparasitas gastrointestinais de bovinos da raça Nelore, Passafaro et al. (2014) encontraram estimativas de correlações genéticas de baixa magnitude (0,10; 0,13 e 0,27) para a característica OPG em diferentes idades.

Tabela 9. Estimativas de herdabilidade na diagonal, correlações genéticas acima da diagonal e correlações ambientais abaixo da diagonal para contagem de ovos por grama de fezes (OPG), em ovinos Santa Inês, por classe de idade (CI).

CI	CI90	CI180	CI270	CI360	CI450	CI540	CI630	CI720	CI810	CI900
CI90	0,17 (0,03)	1,00	1,00	1,00	1,00	0,99	0,99	0,98	0,98	0,98
CI180	1,00 (0,00)	0,15 (0,03)	1,00	1,00	1,00	0,99	0,99	0,98	0,98	0,98
CI270	0,99 (0,07)	0,99 (0,12)	0,11 (0,02)	1,00	1,00	1,00	0,99	0,99	0,98	0,98
CI360	0,86 (0,05)	0,84 (0,07)	0,79 (0,15)	0,09 (0,01)	1,00	1,00	0,99	0,99	0,98	0,98
CI450	0,98 (0,06)	0,98 (0,08)	0,96 (0,12)	0,92 (0,08)	0,06 (0,01)	1,00	1,00	0,99	0,98	0,98
CI540	0,99 (0,06)	0,99 (0,09)	0,97 (0,09)	0,90 (0,04)	0,98 (0,04)	0,05 (0,01)	1,00	0,99	0,98	0,98
CI630	0,99 (0,09)	0,99 (0,10)	0,98 (0,07)	0,89 (0,03)	0,99 (0,06)	1,00 (0,00)	0,03 (0,01)	1,00	0,99	0,98
CI720	0,98 (0,10)	0,98 (0,10)	0,98 (0,08)	0,90 (0,05)	0,99 (0,05)	1,00 (0,00)	0,99 (0,06)	0,02 (0,01)	1,00	0,99
CI810	0,98 (0,12)	0,99 (0,08)	0,98 (0,08)	0,88 (0,04)	0,99 (0,08)	0,99 (0,06)	0,99 (0,07)	0,99 (0,10)	0,02 (0,01)	0,99
CI1900	0,99 (0,13)	0,98 (0,06)	0,98 (0,07)	0,89 (0,02)	0,98 (0,05)	0,99 (0,07)	0,99 (0,06)	0,99 (0,15)	0,99 (0,08)	0,01 (0,02)

CI90 = 30 a 90 dias de idade CI180= 91 a 180 dias de idade, CI240= 181 a 270 dias de idade, CI360= 271 a 360 dias de idade, CI450= 361 a 450 dias de idade, CI540 = 451 a 540 dias de idade, CI541= 541 a 630 dias de idade, CI720 = 631 a 720 dias de idade, CI810 = 721 a 810 dias de idade, CI900 = 811 a 900 dias de idade. Erros- padrão das estimativas estão entre parênteses.

A repetibilidade para OPG foi de 0,20 para o modelo Rep1OPG (Tabela 10). Esta estimativa do coeficiente de repetibilidade mostra a pouca regularidade desta característica durante o intervalo de tempo estudado. A repetibilidade citada em diversos estudos tem apresentado valores muito variáveis. Quirino et al. (2011) encontraram coeficiente de repetibilidade de 0,33 para OPG em ovinos da raça Santa Inês. Gray (1997) cita que Karlsson et al. (1991) estimaram repetibilidade zero para OPG, enquanto Baker et al. (1991) encontraram repetibilidade de 0,86 para OPG. No estudo de Bouix et al. (1998), a repetibilidade para OPG foi de 0,47 ao considerar diferentes

mensurações no mesmo ano, e de 0,25 quando as consideraram em diferentes anos.

Tabela 10. Estimativas dos componentes de variância, coeficientes de herdabilidade e repetibilidade para contagem de ovos por grama de fezes (OPG) com seus respectivos erros-padrão, analisados como medidas repetidas do animal.

Modelos	σ^2_a	σ^2_{pe}	σ^2_p	σ^2_e	c^2	h^2	T
Rep1OPG	0,22±0,07	0,26±0,08	2,14±0,07	1,86±,07	0,12±0,04	0,04±0,02	0,20

σ^2_a variância aditiva direta; σ^2_{pe} variância do ambiente permanente do animal
 σ^2_p variância fenotípica; σ^2_e variância residual; c^2 proporção da variância fenotípica devido ao efeito de ambiente permanente do animal; h^2 coeficiente de herdabilidade; t coeficiente de repetibilidade.

As correlações ambientais em todas as características (Tabela 6, 7 e 9) apresentaram valores próximos e mesmo sinal dos encontrados pelas correlações genéticas, indicando que estas características respondem a variação do ambiente no mesmo sentido.

Na literatura, as estimativas de herdabilidade e correlações genéticas são muito variáveis para as características de resistência a verminose, além do emprego de diferentes modelos para sua estimação, tornando difícil o entendimento da variação genética desta característica. De modo geral, a maioria das estimativas de correlações genéticas em cada característica (PC, VG e OPG) apresentou alta magnitude. No entanto, o que pode definir o sucesso ou não da seleção destes animais é a magnitude da estimativa de herdabilidade, que para PC foi de moderada magnitude, portanto com a seleção em idades a partir de 271 dias poderá se obter ganhos genéticos em idades subsequentes. No entanto, as características de resistência à verminose apresentaram estimativas de herdabilidade de baixa magnitude em todo o período. Portanto, a seleção para estas características seria pouco eficiente, pois se esperam poucos ganhos genéticos ao longo do tempo.

CONCLUSÃO

O modelo de regressão aleatória considerando heterogeneidade de variâncias e polinômio de Legendre de ordem 3 (intercepto, linear e quadrático) proporcionou o melhor ajuste dos dados para as características estudadas. A seleção dos animais baseada no peso corporal a partir de 271 dias de idade é recomendada devido à moderada estimativa de herdabilidade e altas correlações genéticas com a maioria das idades adjacentes, que irá melhorar geneticamente os pesos corporais ao longo do crescimento.

Em função das estimativas de herdabilidade não foi possível indicar um período mais adequado para realizar a seleção visando melhorar a resistência à verminose nos demais períodos. Medidas de manejo sanitário poderão ser mais eficientes para controle da verminose do que a seleção para volume globular e contagem de ovos por grama de fezes nesta população.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBERS, G. A. A. et al. The genetics of resistance and resilience to *Haemonchus contortus* infection in young Merino sheep. **International Journal for Parasitology**, v. 17, n. 7, p. 1355-1363, 1987.

AMARANTE, A.F.T. Resistência genética a helmintos gastrintestinais. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: SBMA, 2004.

ASSENZA, F.; ELSSEN, J.-M.; LEGARRA, A.; CARRÉ, C.; SALLÉ, G.; ROBERT-GRANIÉ, C.; MORENO, C.R. Genetic parameters for growth and faecal worm egg count following *Haemonchus contortus* experimental infestations using pedigree and molecular information. **Genetics Selection Evolution**, v.46, n.13, p.1-9, 2014.

BALIC, A.; CUNNINGHAM, C.P.; MEEUSEN, E.N.T. Eosinophil interactions with *Haemonchus contortus* larvae in the ovine gastrointestinal tract. **Parasite Immunology**, v. 28, p.107-115, 2006.

BISHOP, S.C.; JACKSON, F.; COOP, R.L.; STEAR, M.J. Genetic parameters for resistance to nematode infections in Texel lambs and their utility in breeding programs. **Journal of Animal Science**, v.78, p.185-194, 2004.

BOUIX, J.; KRUPINSKI, J.; REZEPECKI, R.; NOWOSAD, B.; SKRZYŻALA, I.; ROBORZYSNSKI, M.; FUDALEWICZ-NIEMCZYK, W.; SKALSKA, M.; MALCZEWSKI, A.; GRUNER, L. Genetic resistance to gastrointestinal nematode parasites in Polish long-wool sheep. **International Journal for Parasitology**, v. 28, p. 1797-1804, 1998.

BULL, B.; FUJIMOTO, K.; HOUWEN, B.; KLEE, G.; van HOVE, L.; van ASSENDELFT, O. Recommendations for "Surrogate Reference" Method for the Packed Cell Volume. In: INTERNATIONAL COUNCIL FOR STANDARDIZATION IN HAEMATOLOGY, **Proceedings...**, v.9, p.1-9, 2003.

FALCONER, D.S. 1989. Introduction to quantitative genetics. Hongman Scientific & Technical, New York.

FISCHER, T. M.; VAN DER WERF, J.H. J.; BANKS, R.G.; BALL, A.J. Description of lamb growth using random regression on field data. **Livestock Production Science**, v. 89, p. 175-185, 2004.

GAULY, M., ERHARDT, G. Genetic resistance to gastrointestinal nematode parasites in Rhon sheep following natural infection. *Veterinary Parasitology*, v.102, p. 253 –259, 2001.

GRAY, G.D. The use of genetically resistant sheep to control nematode parasitism. **Veterinary Parasitology**, v.72, n.3, p.345-366, 1997.

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

LEWIS, R. M.; BROTHERSTONE, S. A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. **Journal of Animal Science**, v.74, p. 63-70, 2002.

LÔBO, R.N.B.; VIEIRA, L.S.; OLIVEIRA, A.A.; MUNIZ, E.N.; SILVA, J.M. Genetics parameters for faecal egg count, packed-cell volume and bodyweight in Santa Ines. **Genetics and Molecular Biology**, v.32, n.2, p.288-294, 2009.

MANDONNET, N.; AUMONT, G.; FLEURY, J.; ARQUET, R.; VARO, H.; GRUNER, L.; BOUIX, J.; KHANG, J.V. Assessment of genetic variability of resistance to gastrointestinal nematode parasites in Créole goats in the humid tropics. **Journal Animal Science**, v.79, p.1706-1712, 2001.

MENDES, D.M.; CAMARGO, M.F.; AUN, V.V.; FERNANDES, M.F.M.; AUN, W.T.; MELLO, J.F. Eosinophilia. **Revista Brasileira de Alergia e**

Imunopatologia. v.23, n.2, p.84-91, 2000. Guadeloupe (F.W.I.), 12 outubro 2017. Disponível em: <http://www.asbai.org.br/revistas/Vol232/eosino.htm>. Acessado em: 12/Outubro/2017.

MEYER, K. WOMBAT—A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University Science B**, v. 8, p. 815-821, 2007.

PASSAFARO, T.L.; SANTOS, L.L.; RAIDAN, F.S.S.; MORAIS, M.M.; BOTERO, J.P.C.; LEITE, R.C.; TORAL, F.L.B. Genetic parameters for resistance to parasites in Nellore cattle through random regression. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 10, Vancouver, Canadá, **Proceedings...** Vancouver: 2014.

POLLOTT, G. E; KARLSSON, L. J.; EADY, S.; GREEFF, J. C. Genetic parameters for indicators of host resistance to parasites from weaning to hogget age in Merino sheep. **Journal of Animal Science**, v. 82, n. 10, p. 2852-2864, 2004.

PRINCE, L.L.; GOWANE, G.R.; SWARNKAR, C.P.; SINGH, D.; ARORA, A.L. Estimates of genetic parameters for faecal egg count of *Haemonchus contortus* infection and relationship with growth traits in Avikalin sheep. **Tropical Animal Health and Production**, v.42, n.4, p.785-91, 2010.

QUIRINO, C. R.1; COSTA, R. L. D.; CARNEIRO-SILVA, R. M.; MADELLA-OLIVEIRA, A. F. Repeatability of faecal egg count and of globular volume in Santa Inês Breed. **Actas Iberoamericanas de Conservacion Animal**, v. 1, p. 314-318, 2011.

SARMENTO, J. L. R. **Avaliação genética de características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos de regressão aleatória**. 78 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa - UFV, 2003.

SARMENTO, J. L. R.; TORRES, R. A.; PEREIRA, C. S.; SOUSA, W. H.; LOPES, P. S.; ARAÚJO, C. V.; EUCLYDES, R. F. Avaliação genética de características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v,58, n.1, p.68-77, 2006.

SAYERS, G.; GOOD, B.; HANRAHAN, J.P.; RYAN, M.; SWEENEY, T. Intron of the interferon gama gene: It's role i nematode resistance in Sulffolk and Texel sheep breeds. **Research in Veterinary Science**. Oxford. v.79. p.191- 196. 2005.

SCHALM, O.W.; JAIN, N.C.; CARROLL E. J. (1975) Veterinary Hematology. Lea & Febiger, Philadelphia.

THOMAZ-SOCCOL, V. et al. Resistance of gastrointestinal nematodes to anthelmintics in sheep (*Ovis aries*). **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 47, n. 1, p. 41-47, 2004.

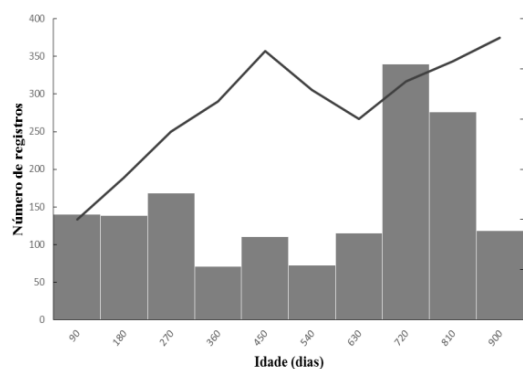
TAYLOR, M.A.; COPP, R.L.; WALL, R.L. **Parasitologia Veterinária**. 1ª ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 215p., 2010.

VANIMISETTI, H.B.; ANDREW, S.L.; ZAJAC, A.M.; NOTTER, D.R. Inheritance of fecal egg count and packed cell volume and their relationship with production traits in sheep infected with *Haemonchus contortus*. **Journal of Animal Science**, v.82, p.1602-1611, 2004.

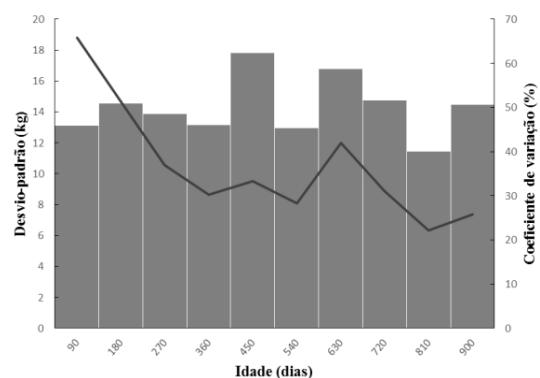
VIEIRA, L.S.; CAVALCANTE, A.C.R.; XIMENES, L.J.F. Epidemiologia e controle das principais parasitoses de caprinos nas regiões semi-áridas do Nordeste do Brasil. **Circular Técnica**. Embrapa/Caprinos-Merial, Sobral, 49p., 1997.

APÊNDICE

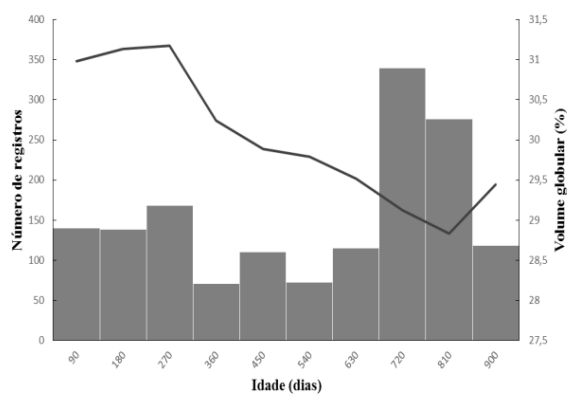
(a)



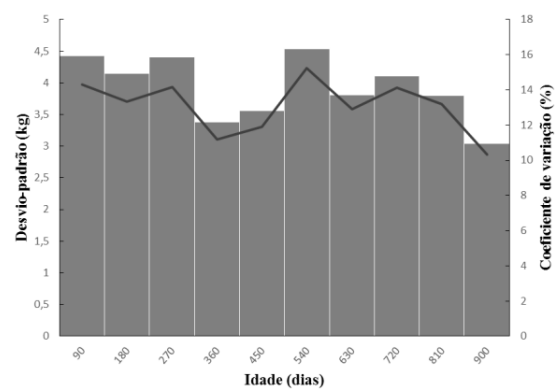
(b)



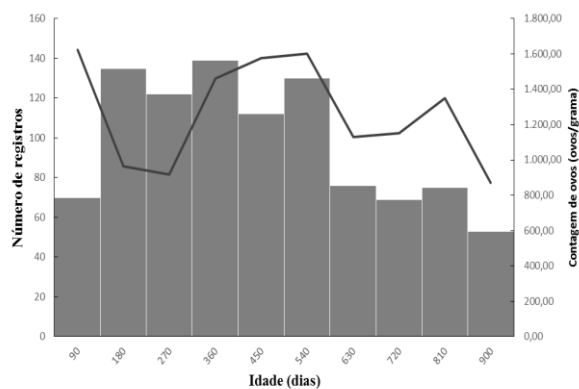
(c)



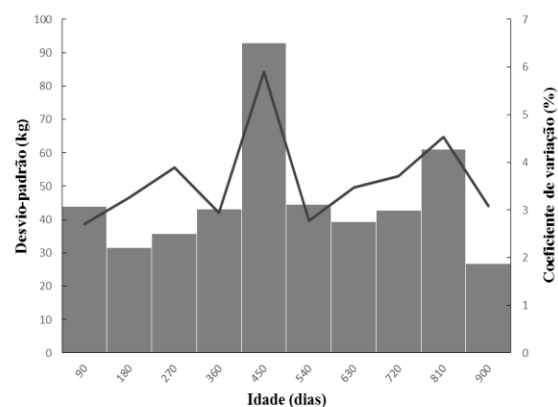
(d)



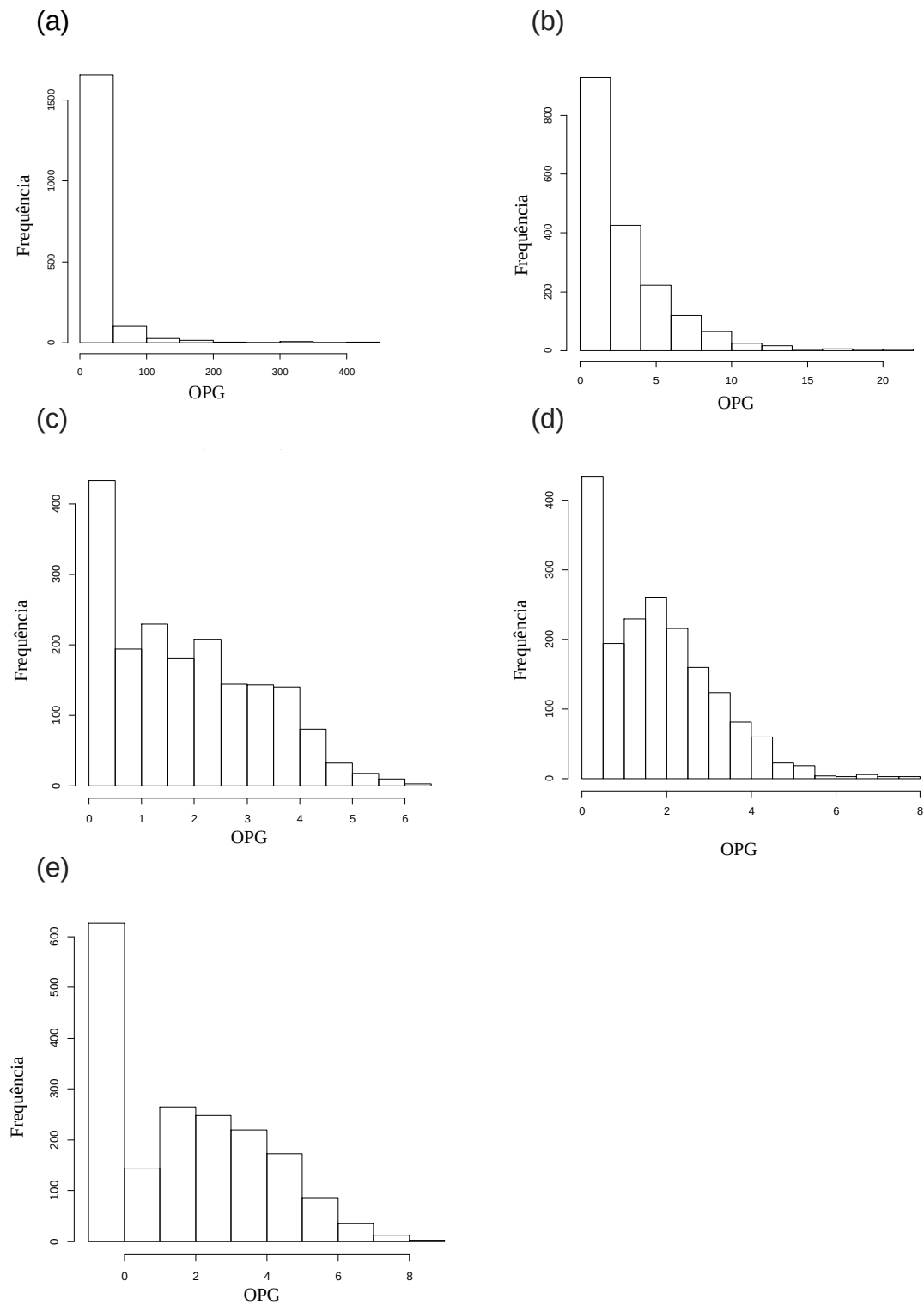
(e)



(f)

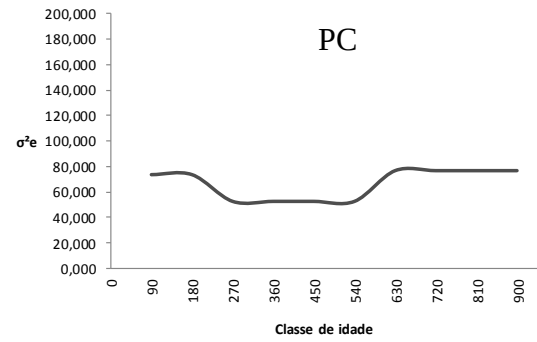
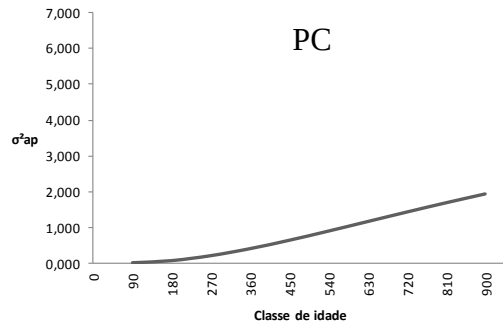
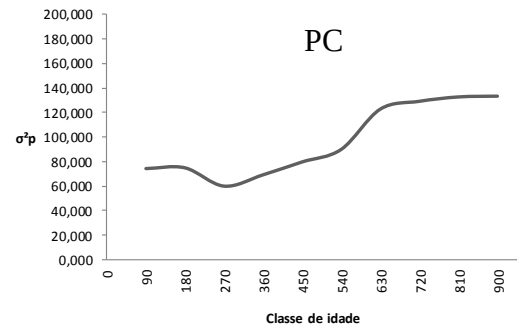
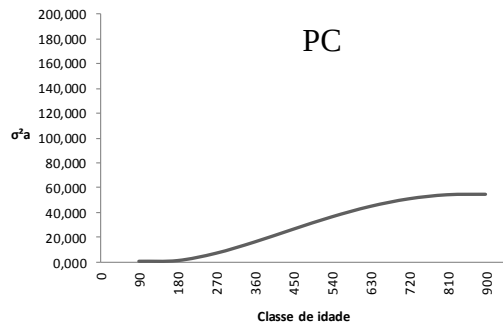


Apêndice 1. Variação do número de observações (barras) e média das características estudadas (PC, VG e OPG) (linha) por classe de idade (a, c, e) e variação do desvio-padrão (barra) e coeficiente de variação (linha) das características estudadas (PC, VG e OPG) por classe de idade (b, d, f).

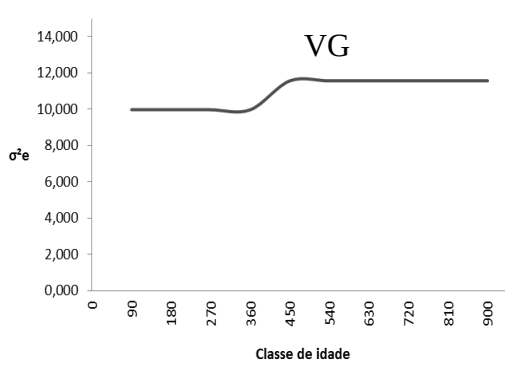
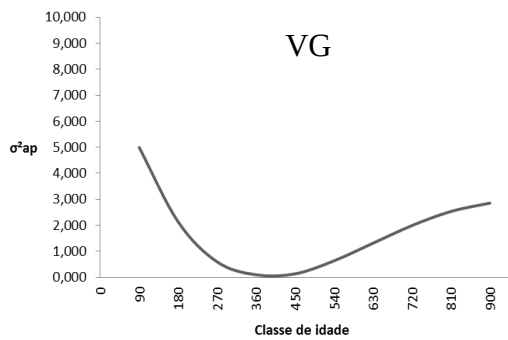
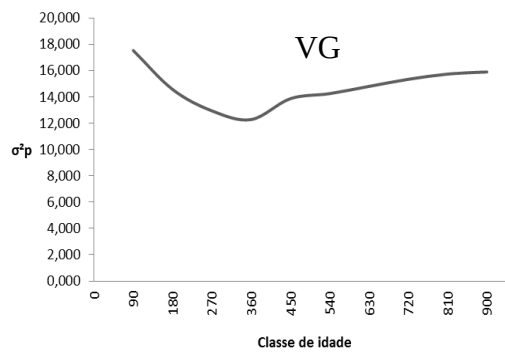
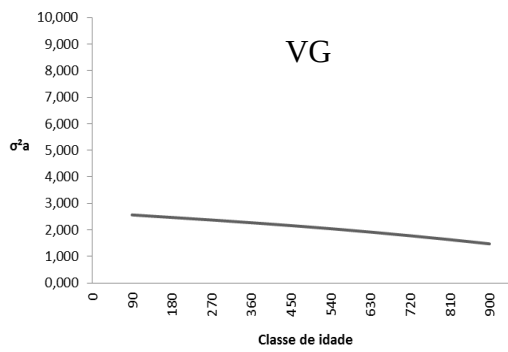


Apêndice 2. Histogramas da característica contagem de ovos por grama de fezes (OPG) sem (a) e com transformações: (b) Transformação de raiz quadrada, (c) Transformação de raiz cubica, (d) Transformação Log(OPG + 1) e (e) Transformação Box Cox.

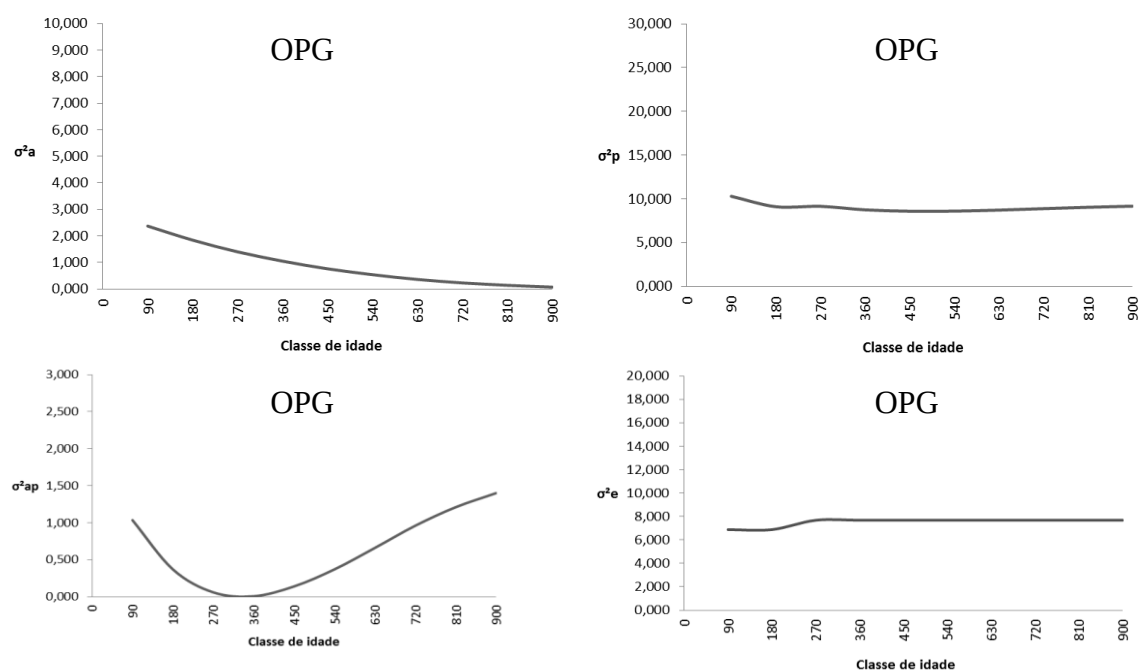
(a)



(b)

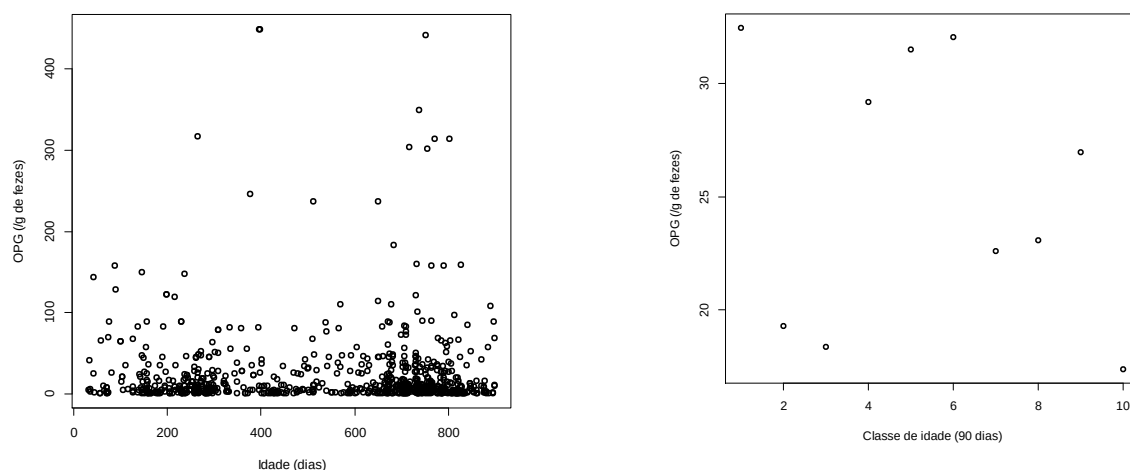


(c)



* (a) peso corporal (PC); (b) volume globular (VG) e (c) = contagem de ovos por grama de fezes (OPG).

Apêndice 3. Variação por idade dos componentes de variância genética aditiva direta (a), fenotípica (p), de ambiente permanente do animal (ap) e residual (e), obtidas por meio do modelo de regressão aleatória.



Apêndice 4. Dispersão de contagem de ovos por grama de fezes (OPG) por idade e por classes de idade em ovinos Santa Inês.

CAPÍTULO 4 - ANÁLISES MULTIVARIADAS PARA PESO CORPORAL E CARACTERÍSTICAS DE RESISTÊNCIA A VERMINOSE EM OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS

RESUMO: Nos programas de melhoramento, as estimativas de parâmetros genéticos e as análises multivariadas são ferramentas utilizadas na tomada de decisões para a seleção de animais que contribuam geneticamente para melhoria do desempenho das características desejadas na população. O objetivo deste estudo foi avaliar a associação genética e explorar o perfil genético para peso corporal e resistência a verminose em ovinos da raça Santa Inês por meio de análises multivariadas. O conjunto de dados conteve registros de 375 ovinos da raça Santa Inês distribuídos em cinco fazendas. Os valores genéticos preditos foram estimados por modelo de regressão aleatória. A análise de componentes principais foi realizada no software STATISTICA e as análises de agrupamento no software R. Os valores genéticos de peso corporal (PC), volume globular (VG) e contagem de ovos nas fezes (OPG), para cada animal, foram preditos por meio das soluções dos coeficientes genético-aditivos dos polinômios de Legendre. Análises de componentes principais e agrupamento hierárquico e não-hierárquico foram executadas com base nos valores genéticos em dez classes de idade. Os animais com maiores valores genéticos para PC também apresentaram valores genéticos positivos para VG, no mesmo eixo e os vetores ficaram bem próximos e apresentaram mesmo sentido no primeiro componente principal. Por meio da análise de agrupamento hierárquico a população foi dividida em três agrupamentos. Nesta divisão, apenas um dos grupos apresentou perfil genético indicado para a seleção. A seleção para peso corporal poderá trazer ganhos genéticos favoráveis para a característica volume globular devido à proximidade das características no eixo do primeiro componente principal. A análise de agrupamento com base nos valores genéticos oriundos da análise de regressão aleatória permite a seleção dos animais baseada na forma da curva genética das características estudadas (PC, VG e OPG).

Palavras-chave: peso corporal, valores genéticos, verminose.

INTRODUÇÃO

A seleção em programas de melhoramento genético animal deve ser feita de forma equilibrada, levando em conta as principais características de interesse econômico. A seleção ponderada para várias características reduz o risco de alguma característica ser prejudicada no processo de seleção devido às correlações genéticas.

Nos programas de melhoramento, as análises multivariadas são ferramentas utilizadas para auxiliar nas tomadas de decisões para a seleção de animais que contribuam geneticamente para melhoria das características desejadas na população. A técnica de análise dos componentes principais busca reduzir o espaço de variáveis, que são agregações lineares das variáveis originais, criando eixos ortogonais de associações lineares das variáveis originais, com perda mínima da informação original. Cada eixo tem a finalidade de simplificar a inter-relação entre variáveis correlacionadas em um conjunto de dados, podendo ser entendido como um método de transformação das variáveis originais em novas variáveis não correlacionadas (Savegnago et al., 2011).

Como existe variação genética na população, a análise de agrupamento pode ser uma alternativa para encontrar e agrupar animais geneticamente semelhantes, com base nas características de interesse. Savegnago et al. (2015) utilizaram técnicas multivariadas para indicar vacas leiteiras com melhor perfil genético visando a seleção para produção e qualidade de leite. Ambas as análises de agrupamento, hierárquica e não hierárquica, buscam reduzir a heterogeneidade dos animais dentro dos grupos e aumentar a heterogeneidade entre grupos (HAIR et al., 2009).

A análise de agrupamento hierárquico agrupa os animais com base em determinadas características. Esta análise apresenta seu resultado em um gráfico denominado dendrograma, em que os indivíduos são ordenados por proximidade e agrupados, de acordo com as características escolhidas. A análise de agrupamento não hierárquico pelo método *k-means* se baseia na construção de uma estrutura e fornece classificação prévia dos grupos.

Os objetivos deste estudo foram: (1) avaliar a associação genética entre peso corporal e características de resistência à verminose por meio da análise

de componentes principais e (2) utilizar a análise de agrupamento a fim de explorar o perfil genético dos animais para as características estudadas, visando identificar os animais mais indicados para atender os objetivos de seleção de um programa de melhoramento genético de ovinos da raça Santa Inês.

MATERIAL E MÉTODOS

1. Descrição dos dados

Os valores genéticos de 375 animais da raça Santa Inês para as características peso corporal (PC), volume globular (VG) e contagem de ovos por grama de fezes (OPG) foram preditos por meio dos coeficientes genético-aditivos do modelo de regressão aleatória (MRODE, 2005). Esses valores genéticos se apresentam em 10 classe de idade (CI= Classe de idade; CI1= 30 a 90 dias de idade; CI2= 91 a 180 dias de idade; CI3= 181 a 270 dias de idade; CI4= 271 a 360 dias de idade; CI5= 361 a 450 dias de idade; CI6= 451 a 540 dias de idade; CI7= 541 a 630 dias de idade; CI8= 631 a 720 dias de idade; CI9= 721 a 810 dias de idade e CI10= 811 a 900 dias de idade) para cada característica, sendo VGPC1, VGPC2, VGPC3, VGPC4, VGPC5, VGPC6, VGPC7, VGPC8, VGPC9 e VGPC10 para a características peso corporal, VGVG1, VGVG2, VGVG3, VGVG4, VGVG5, VGVG6, VGVG7, VGVG8, VGVG9 e VGVG10 para a característica volume globular e VGOPG1, VGOPG2, VGOPG3, VGOPG4, VGOPG5, VGOPG6, VGOPG7, VGOPG8, VGOPG9 e VGOPG10 para a característica contagem de ovos por grama de fezes. As classes de idade (CI) foram padronizadas entre -1 e 1 utilizando $w_t = -1 + 2[(t - t_{min}) / (t_{max} - t_{min})]$ (KIRKPATRICK et al., 1990; KIRKPATRICK et al., 1994), em que w_t é o CI padronizado no tempo t (dias), sendo $t = t_{min}, \dots, t_{max}$.

Em notação matricial, os polinômios ortogonais de Legendre foram descritos como $\Phi = M\Gamma$, em que M é a matriz contendo os valores dos polinômios dos CI padronizados de ordem $t \times k$, em que k é o número de parâmetros do polinômio, e Γ é a matriz com os coeficientes dos polinômios

padronizados de Legendre (MRODE, 2005).

Os valores genéticos (**VG**) dos animais na t-ésima CI para o i-ésimo animal foram calculados por:

$$VG_{it} = \boldsymbol{\varphi}_n(\mathbf{w}_t)' \mathbf{u}_i$$

em que $\boldsymbol{\varphi}_n(\mathbf{w}_t)'$ é o vetor linha com os valores padronizados do Polinômio de Legendre de ordem n, no t-ésimo CI e $\mathbf{u}_i$ é o vetor coluna com as soluções dos coeficientes genético-aditivos de regressão aleatória para o animal i.

2. Análises Multivariadas

2.1. Análise de componentes principais

O objetivo da análise de componentes principais foi condensar as informações contidas nas três variáveis estudadas em 10 classes de idade em um número menor de variáveis latentes ortogonais denominadas componentes principais, com perda mínima de informação (HAIR et al., 2009). Os componentes principais são combinações lineares das variáveis originais, construídos com os autovalores da matriz de covariância. Os autovalores representam o comprimento e o total da variância contida nos componentes principais. Associado a cada autovalor, existe um vetor de módulo unitário chamado autovetor. Os autovetores representam a intensidade, direção e sentido da contribuição da variância de cada variável dentro dos componentes principais. Estes também são fatores de ponderação que definem a contribuição das variáveis originais em cada componente principal.

Por definição, o primeiro componente principal explica a maior parte da variância genética aditiva total, o segundo componente principal explica a segunda maior parte da variação genética aditiva total não correlacionada com o primeiro componente principal e assim por diante, até que toda a variância seja explicada (SAVEGNAGO et al., 2011). O número de componentes principais escolhidos foi feito com base no critério de Kaiser (1960), em que apenas os componentes principais com autovalores maiores que um, explicaram a parte mais relevante da matriz de (co)variância genética aditiva.

Esta análise foi processada no software STATISTICA (STATISTICA 7.0, StatSoft, Inc., Oklahoma, USA).

Em um conjunto de dados com p variáveis, o componente principal i (CP_i) é dado por:

$$CP_i = a_{i1}X_1 + a_{i2}X_2 + \dots + a_{ij}X_j$$

Em que: a_{ij} = coeficiente padronizado dos valores genéticos da j -ésimo variável no i -ésimo componente principal., sendo $i=1,2,\dots,30$ e $j=1,2,\dots,30$; X_j = j -ésimo valor da variável original. Os coeficientes padronizados foram calculados por:

$$a_{ij} = \frac{\text{autovetor}_{ij}}{\sqrt{\text{autovalor}_j}}$$

2.2 Análise de agrupamento hierárquico e não-hierárquico

À partir dos valores genéticos aditivos preditos para cada indivíduo e característica nas diferentes classes de idade, foi realizada a análise de agrupamento hierárquico e não hierárquico por meio do software R (Development Core Team, 2010). As análises de agrupamento foram utilizadas para agrupar os animais com base nos seus valores genéticos para as características estudadas, a fim de explorar o padrão genético de crescimento e resistência à verminose em cada agrupamento obtido. Para descrever a estrutura genética-aditiva da população, duas análises de agrupamentos foram utilizadas. A análise de agrupamento hierárquica foi realizada com o intuito de escolher a melhor quantidade de grupos em que a população poderia ser dividida. A distância Euclidiana foi utilizada como medida de similaridade entre os animais e o algoritmo de agrupamento de Ward (1963) foi utilizado para formar os grupos.

A escolha do número de grupos pela análise hierárquica foi utilizada posteriormente pela análise de agrupamento não-hierárquica pelo método k-means, que tem o intuito de explorar o perfil genético das características estudadas, ou seja, a variação das características quanto ao seu valor genético predito, em cada grupo.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

1. Análise de componentes principais

Segundo o critério de Kaiser (1960), foram escolhidos dois componentes principais, que explicaram 68,45% da variação dos valores genéticos das características PC, VG e OPG nas 10 classes de idade (Figura 1). Deste total, 35,24% foi explicado pelo primeiro componente principal (CP1) e 33,21% pelo segundo componente principal (CP2).

Os valores genéticos foram separados em diferentes componentes principais quando a associação genética entre as características foi de baixa magnitude. Os vetores das variáveis que tem maior comprimento dentro de um componente principal possuem maior poder discriminante, ou seja, são as variáveis que podem ser utilizadas para separar os animais que possuem características antagônicas dentro de um componente principal. O poder discriminante (tamanho do vetor) das variáveis de um componente principal é indicado pelo coeficiente de correlação linear entre a variável e seu respectivo componente principal (Tabela 1).

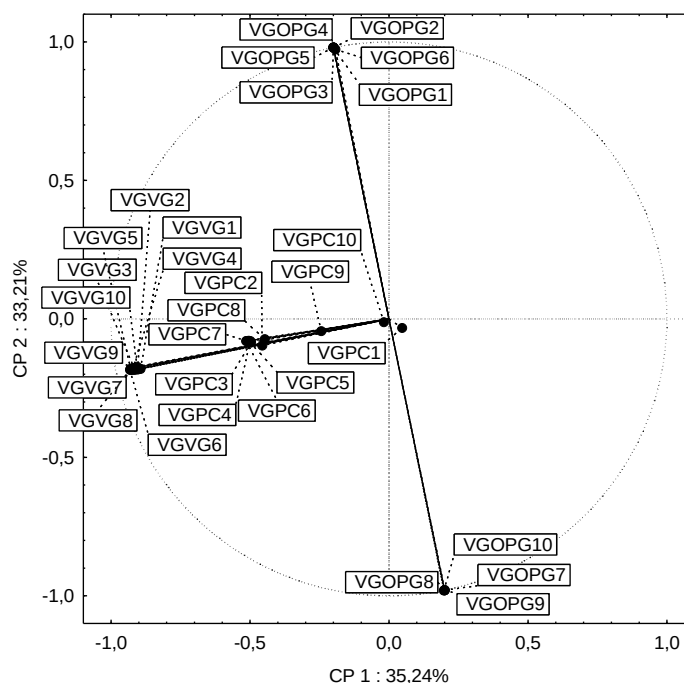


Figura 1. Relação do componente principal um (CP1) com o dois (CP2) para os valores genéticos para peso corporal (VGPC1 a VGPC10), volume globular (VGVG1 a VGVG10) e contagem de ovos por grama de fezes (VGOPG1 a VGOPG10).

Tabela 1. Correlação linear das variáveis em cada componente principal.

Características	CP1	CP2
VGPC1	0,047313	-0,032680
VGPC2	-0,456279	-0,095499
VGPC3	-0,496284	-0,085308
VGPC4	-0,498768	-0,080309
VGPC5	-0,504935	-0,079146
VGPC6	-0,513479	-0,079931
VGPC7	-0,511424	-0,080461
VGPC8	-0,446682	-0,073003
VGPC9	-0,243463	-0,044789
VGPC10	-0,018766	-0,011466
VGVG1	-0,893596	-0,180840
VGVG2	-0,905020	-0,182211
VGVG3	-0,914946	-0,183214
VGVG4	-0,922973	-0,183767
VGVG5	-0,928660	-0,183785
VGVG6	-0,931544	-0,183180
VGVG7	-0,931162	-0,181866
VGVG8	-0,927082	-0,179766
VGVG9	-0,918938	-0,176822
VGVG10	-0,906468	-0,172996
VGOPG1	-0,200417	0,979549
VGOPG2	-0,200367	0,979571
VGOPG3	-0,200296	0,979601
VGOPG4	-0,200181	0,979650
VGOPG5	-0,199921	0,979746
VGOPG6	-0,193335	0,973386
VGOPG7	0,200545	-0,979266
VGOPG8	0,200081	-0,979548
VGOPG9	0,199516	-0,979737
VGOPG10	0,197799	-0,980059

*Os números em negrito são os que possuem maior correlação dentro de cada componente principal considerando magnitude maior que 0,50.

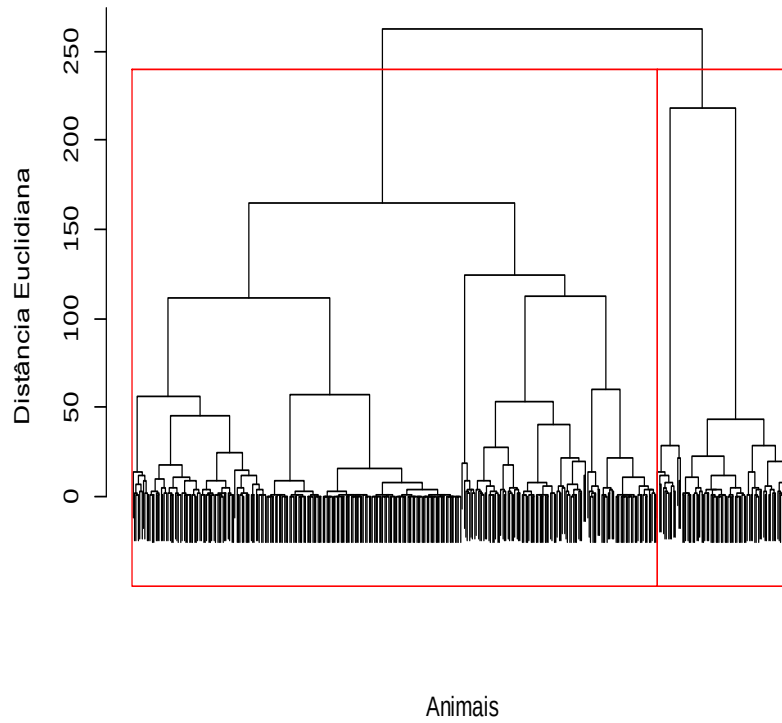
Observou-se que VGVG6 teve maior poder discriminante no CP1, pois é a variável que conteve maior comprimento (Figura 1) e maior correlação (Tabela 1) dentro do CP1. Além disso, o feixe de variáveis no CP1 teve mesmo sentido e os vetores ficaram bem próximos do eixo CP1 (Figura 1), sugerindo que ovinos com maiores valores genéticos para VGVG6 também apresentaram valores genéticos positivos para as demais características no mesmo eixo. A ortogonalidade entre as variáveis do eixo CP1 com as do eixo CP2 indicou que as variáveis do eixo CP1 apresentaram baixa associação genética com as variáveis próximas do CP2.

No componente principal dois (CP2), VGOPG10 foi a que teve maior poder discriminante (Figura 1), pois é a variável que conteve maior correlação (Tabela 1) dentro do CP2.

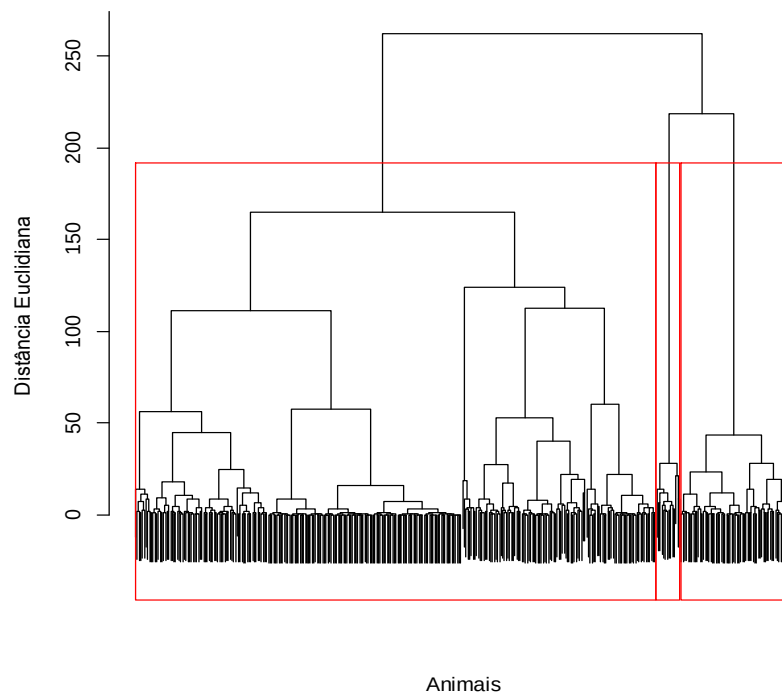
2. Análise de agrupamento hierárquico e não-hierárquico

Por meio da análise de agrupamento hierárquico, a população foi dividida em dois (Figura 2a), três (Figura 2b) e quatro grupos (Figura 2c). O perfil genético destes agrupamentos foi caracterizado por meio da análise de agrupamento não-hierárquica (Figura 3a, b e c). Para explorar o perfil aditivo genético dos grupos foram feitas curvas para cada grupo contendo os valores genéticos das três características estudadas (PC, VG e OPG) em 10 classes de idade.

(a)



(b)



(c)

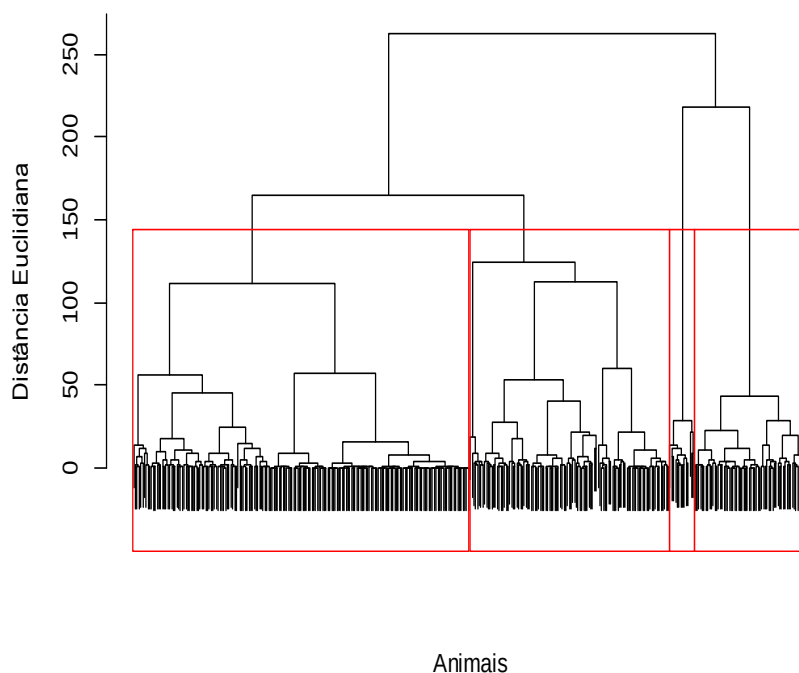


Figura 2. Dendrograma baseado nos valores genéticos para as características PC, VG e OPG em dez classes de idade, obtidos pela análise de agrupamento hierárquica pelo método de Ward com dois (a), três (b) e quatro (c) grupos.

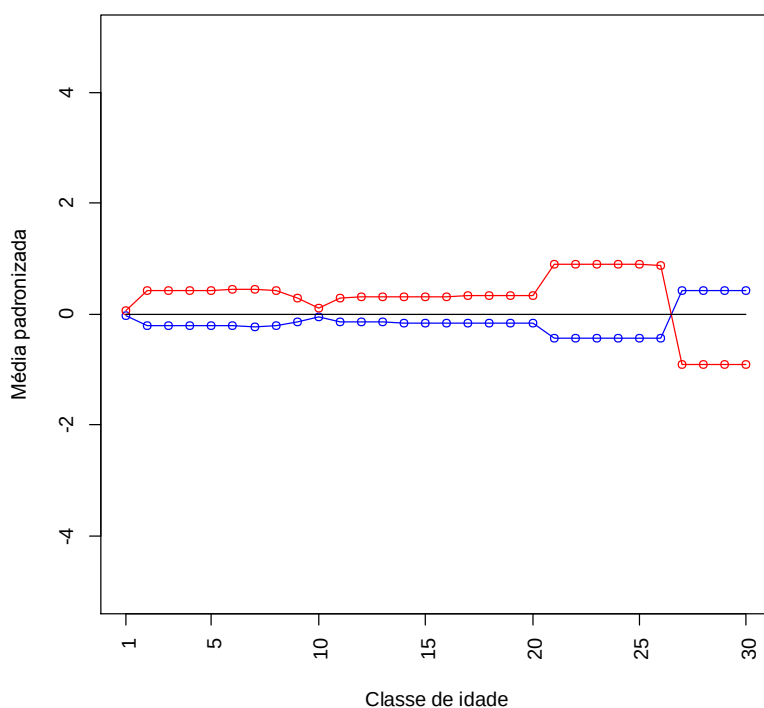
*Os retângulos indicam o número de grupos.

O agrupamento que melhor representou o perfil genético dos animais é o agrupamento com três grupos (Figura 3b), pois o agrupamento com dois grupos apresenta médias padronizadas dos valores genéticos próximas de zero para PC e VG (Figura 3a). O agrupamento com quatro grupos possui interpretação difícil (Figura 3c), por isto não foram apresentados agrupamentos com maiores números de grupos.

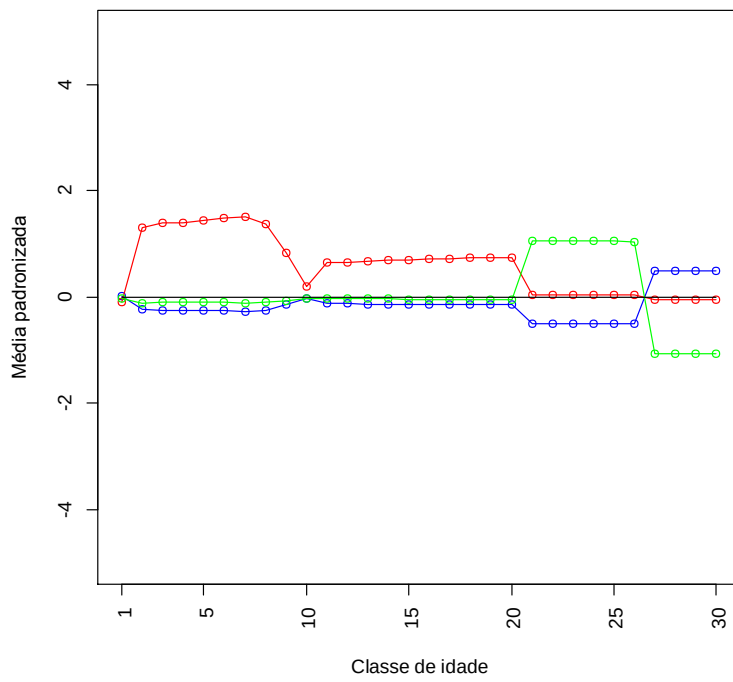
Os perfis genéticos dos animais no agrupamento com três grupos (Figura 3b) indicam que houve pouca diferença entre as curvas genéticas principalmente no grupo um e três. A seleção dos animais baseado no perfil das curvas genéticas da produção de carne e resistência à verminose dependeria dos objetivos de seleção. Se o programa de melhoramento genético permitir a seleção de animais com alta produção de carne e resistência a verminose, os animais do grupo dois seriam os mais indicados para a seleção no agrupamento com três grupos (Figura 3b).

Para a análise de agrupamento com três grupos (Figura 3b) foram contabilizados 298 animais no grupo um, 65 no grupo dois e 14 no grupo três. Os animais do grupo dois apresentaram valores genéticos acima da média padronizada para peso corporal e para volume globular, já a característica contagem de ovos por grama de fezes apresentou um valor em torno da média, ou seja, com a seleção dos animais do grupo dois para PC e VG não haveria associação genética com a característica OPG (Figura 1). Enquanto que, para os demais grupos, um e três, a maioria dos valores genéticos foram abaixo da média padronizada ou próximos da média padronizada nas classes de idade, exceto nas últimas.

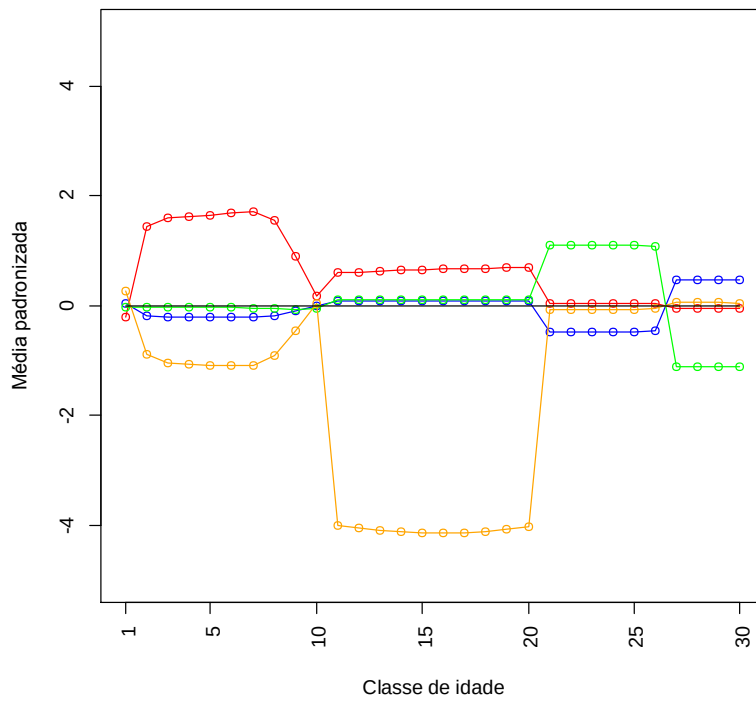
(a)



(b)



(c)



*Grupo 1 = azul; grupo 2 = vermelho, grupo 3 = verde e grupo 4 = laranja.

Figura 3. Análise de agrupamento não-hierárquico com (a) dois grupos; (b) três grupos e (c) quatro grupos, por classe de idade, sendo da 1 a 10 classe de idade para a peso corporal (PC), da 11 a 20 classe de idade para volume globular (VG) e da 21 para a 30 classe de idade para contagem de ovos por grama de fezes (OPG) para todos os agrupamentos.

CONCLUSÃO

A seleção para peso corporal poderia trazer ganhos genético favoráveis para a característica volume globular devido à proximidade das características no eixo do componente principal um e pode ser feita de forma independente de contagem de ovos por grama de fezes, pois ela é ortogonal ao componente principal um.

As análises de agrupamento com os valores genéticos oriundos da análise de regressão aleatória podem auxiliar na seleção genética dos animais baseada na forma da curva aditivo-genética média de cada grupo para as características estudadas. Portanto, com base na curva aditivo-genética o grupo dois apresentou perfil genético indicado para a seleção.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

HAIR, J. F.; BLACK, W. C.; BABIN, B. J.; ANDERSON, R. E. **Multivariate data analysis**. New York: Prentice Hall, p. 816, 2009.

KAISER, H. F. The application of electronic computers to factor analysis. *Educational and Psychological Measurement*, Durham, v.20, p.141-151, 1960.

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

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

MRODE, M. A. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. 2nd ed. Wallingford: CABI Publishing, p. 368, 2005.

SAVEGNAGO, R. P.; CAETANO, S. L.; RAMOS, S. B.; NASCIMENTO, G. B., SCHMIDT, G. S.; LEDUR, M. C.; MUNARI, D. P. Estimates of genetic parameters, and cluster and principal components analyses of breeding values related to egg production traits in a White Leghorn population. *Poultry Science*, Savoy, v. 90, n. 10, p. 2174–2188, 2011.

SAVEGNAGO, R. P.; DO NASCIMENTO, G. B.; ROSA, G. J. M.; DE CARNEIRO, R. L. R.; SESANA, R. C.; EL FARO, L.; MUNARI, D. P. Cluster analyses to explore the genetic curve pattern for milk yield of Holstein. **Livestock Science** (Print), v. 183, p. 28-32, 2015.

WARD, J. H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, v. 58, p. 236-244, 1963.