

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS**  
**ESCOLA DE VETERINÁRIA**

Breno de Oliveira Fragomeni

**ALTERNATIVAS DE AVALIAÇÃO GENÉTICA DE  
TOURINHOS NELORE EM PROVAS DE GANHO EM  
PESO A PASTO**

Belo Horizonte

2012

Breno de Oliveira Fragomeni

**ALTERNATIVAS DE AVALIAÇÃO GENÉTICA DE TOURINHOS  
NELORE EM PROVAS DE GANHO EM PESO A PASTO**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais como requisito parcial para Obtenção do grau de Mestre em Zootecnia

Área de Concentração: Genética e Melhoramento Animal

Prof. Orientador: Dr. José Aurélio Garcia Bergmann

Prof. Coorientador: Dr. Fábio Luiz Buranelo Toral

Belo Horizonte

2012

F811a Fragomeni, Breno de Oliveira, 1986-  
Alternativas de avaliação genética de tourinhos Nelore em provas de ganho em peso a pasto / Breno de Oliveira Fragomeni. – 2012.  
57 p. : il.

Orientador: José Aurélio Garcia Bergmann  
Co-orientador: Fábio Luiz Buranelo Toral  
Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Minas Gerais, Escola de Veterinária  
Inclui bibliografia

1. Nelore (Zebu) – Genética – Teses. 2. Nelore (Zebu) – Melhoramento genético – Teses. 3. Nelore (Zebu) – Seleção – Teses. 4. Nelore (Zebu) – Pesos e medidas – Teses.  
I. Bergmann, José Aurélio Garcia. II. Toral, Fábio Luiz Buranelo. III. Universidade Federal de Minas Gerais. Escola de Veterinária. IV. Título.

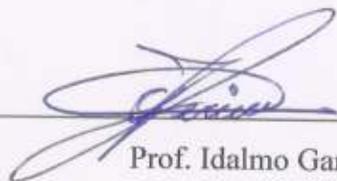
CDD – 636.213 082

Dissertação defendida e aprovada em 16/02/2012 pela Comissão Examinadora composta pelos seguintes membros:



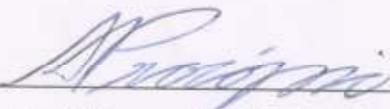
---

Prof. José Aurélio Garcia Bergmann (Orientador)



---

Prof. Idalmo Garcia Pereira



---

Prof. Alessandro Moreira Procópio

*“Não se preocupe com as suas  
dificuldades em Matemática, posso  
assegurar-lhe que as minhas são ainda  
maiores.”*

Albert Einstein

*Dedicatória*

*Dedico este trabalho a meus pais  
Luiz Francisco Pizarro Fragomeni e  
Kátia Maria Miranda de Oliveira, que me  
proporcionaram as maiores riquezas: o  
amor e a oportunidade de estudar.*

## Agradecimentos

Agradeço primeiramente a meus pais, Luiz Francisco e Kátia Maria, por terem me criado da melhor forma que puderam, sempre com muito amor, e que me deram a oportunidade de estudar, chegar onde estou hoje e onde ainda vou chegar.

Ao meu orientador, professor Dr. José Aurélio Garcia Bergmann, que me aceitou aqui em Belo Horizonte como aluno de mestrado me dando total confiança e apoio para realizar este trabalho. Não foi somente orientador no sentido acadêmico, mas também me conduziu, incentivou e ajudou em muitas decisões que fiz durante esse trajeto, e que mesmo com seu tempo tão escasso nunca esteve ocupado para me ajudar. E por sempre elogiar quando eu ia com a camisa do Galo.

Ao meu coorientador professor Dr. Fábio Luiz Buranelo Toral, que assim que o Professor José Aurélio assumiu a direção da Escola me acolheu para formar seu grupo e também me orientou. Me ensinou bastante durante o projeto e as aulas tendo sido essencial para a minha formação. Mas importante de tudo, ele me ensinou a aprender, e, com certeza contribuiu muito não só para meu desenvolvimento científico, mas também para o pessoal.

À professora Dra. Thereza Cristina Bittencourt por ter me apresentado o Melhoramento Animal, ter feito contato com Professor José Aurélio para eu ser aceito em Belo Horizonte, por todo apoio que me deu nessa caminhada e por não ser somente uma professora, mas um exemplo de profissional e pessoa.

Ao professor Martinho de Almeida e Silva pelas aulas, que em principio me deixaram desesperado, mas ajudaram imensamente para formar uma base em meu conhecimento, e pelos conselhos e ajuda nas horas importantes.

Ao professor Idalmo Garcia Pereira, pelas dicas durante a execução do projeto, apoio nas decisões e pelas conversas no corredor e pelas contribuições como membro da banca.

Ao professor Alessandro Procópio pelas contribuições neste trabalho e por fazer parte da banca examinadora.

Ao professor Jonas Pereira, pelo exemplo, pelos conselhos e pela companhia.

Ao colega/professor Bruno Valente, pelas aulas ministradas e pelo apoio, tanto durante o projeto como para as decisões a tomar e o caminho a seguir. Assim como a todos os colegas da pós graduação em Zootecnia/Melhoramento Animal, grupo de melhoramento animal da UFMG e do LADA, que fizeram companhia, trocaram experiências e me ensinaram bastante durante esses dois anos: Dalinne Chrystian, Fabiana Ferreira, Juan Pablo, Juan Salvador, Lucas Ayres, Luciana Freitas, Mariana Anrain, Priscila Bellico, Raphael Rocha, Sirlene Lázaro, Vanessa Praxedes, Vívian Felipe (alguém que, com certeza, devo ter esquecido, me desculpe). À Daiane Becker, pelo trabalho que a gente teve, pelo desespero que passamos e todos os momentos no laboratório rodando análises. E às mentes ávidas do amanhã: Paula Teixeira, Tiago Passafaro e Fernando Vasconcelos, que me permitiram aprender muita coisa.

A todos os amigos que fiz em Belo Horizonte, da academia Tribus, da UFMG, da República “Acarajezin de Queij”: Rodrigo (Digu), Marcelino e Adão, da República da

Bruxa: Zilton e Rafael. Felizmente foram muitos amigos, e infelizmente não poderei citar todos aqui.

À minha madrinha, Maria Helena, que me acolheu em sua casa logo que cheguei aqui em Belo Horizonte e que passou tantos momentos de extrema tensão comigo vendo o Galo jogar.

À minha namorada Mariana Alfonso, pelo amor dispensado, por agüentar estes dois anos longe de mim me dando apoio e me visitando sempre que podia.

Às minhas irmãs Luiza e Manuela pelo carinho e amizade que sempre vão existir. A todos meus tios e primos que constituem essa família maravilhosa. À minha avó Dorothy por ser uma pessoa tão iluminada.

A todos os meus amigos de Salvador, em especial aos do Colégio Apoio, banda Jacuípe e Colégio ISBA.

A todos os professores, colegas e funcionários da UFBA em especial aos meus orientadores durante a graduação que tanto me ensinaram: Professor Fernando Massa, Profa. Luciana Pereira, Prof. Laurival Villas Boas e Profa Silvia Costa; e aos amigos do LABNq.

À escola de Veterinária da UFMG, em especial ao departamento de Zootecnia e do colegiado de pós graduação em Zootecnia e a todos os seus professores e funcionários.

Ao CNPq (Processo 502401/2009-5) e à FAPEMIG (Processo PPM-00456-11) pelo auxílio financeiro para a realização do projeto. Ao Sr. Humberto de Freitas Tavares e ao Grupo Provados a Pasto pela disponibilização dos dados dos tourinhos Nelore

E obviamente, não poderia deixar de agradecer a Deus (Buda Primordial) por permitir que tudo isso acontecesse da forma como ocorreu, e por ter me dado força todos os dias para agüentar as dificuldades.

A todos, meu muito obrigado!

## SUMÁRIO

Capitulo 1 – Considerações Gerais.....	15
Introdução .....	15
Provas de Ganho em Peso.....	17
Método dos Quadrados Mínimos.....	19
Metodologia dos Modelos Mistos.....	21
Inferência Bayesiana.....	24
Objetivos.....	26
Referências.....	27
Capitulo 2 – Parâmetros genéticos e alternativas para avaliação e classificação de tourinhos Nelore em provas de ganho em peso a pasto.....	29
Resumo .....	29
Introdução .....	30
Material e Métodos .....	31
Resultados e Discussão .....	34
Conclusões .....	40

Referências.....	41
Capítulo 3 – Parâmetros genéticos e respostas à seleção para características de crescimento de tourinhos Nelore em provas de ganho em peso a pasto.....	43
Resumo .....	43
Introdução .....	44
Material e Métodos .....	45
Resultados e Discussão.....	48
Conclusões .....	54
Referências.....	55
Capítulo 4 – Considerações Finais .....	57

## Lista de Tabelas

Tabela 2.1	Estatísticas descritivas das características Peso aos 550 dias (P550), Ganho Médio Diário (GMD), Índice (IND) e Idade ao final da prova (Idade) para tourinhos da raça Nelore submetidos a provas de ganho em peso .....	35
Tabela 2.2	Estimativas de herdabilidade (na diagonal), correlações genéticas (acima da diagonal) e correlações fenotípicas (abaixo da diagonal), para Peso aos 550 dias (P550), Ganho Médio Diário (GMD) e Índice (IND) .....	37
Tabela 3.1	Estatísticas descritivas das características Peso aos 550 dias (P550), Ganho Médio Diário (GMD), Índice (IND) e Idade ao final da prova (Idade) de tourinhos Nelore submetidos a provas de ganho em peso a pasto.....	49
Tabela 3.2	Valores das distribuições a posteriori das herdabilidades e das correlações do Peso aos 550 dias (P550), Ganho Médio Diário (GMD), Índice (IND) para tourinhos Nelore submetidos a provas de ganho em peso a pasto.....	50
Tabela 3.3	Valores das distribuições a posteriori dos ganhos genéticos ( $\Delta G$ ) para as características Peso aos 550 dias (P550), Ganho Médio Diário (GMD), Índice (IND) em análises bicaracterísticas para tourinhos da raça Nelore submetidos a provas de ganho em peso.....	51
Tabela 3.4	Valores das distribuições a posteriori da proporção dos ganhos genéticos esperados( $\Delta G$ ) para as características Peso aos 550 dias (P550), Ganho Médio Diário (GMD), Índice (IND) em análises bicaracterísticas para tourinhos da raça Nelore submetidos a prova .....	52

Tabela 3.5	Valores das distribuições a posteriori das respostas indiretas à seleção para as características Peso aos 550 dias (P550), Ganho Médio Diário (GMD), Índice (IND) em análises bicaracterísticas para tourinhos da raça Nelore submetidos a provas de ganho em peso.....	53
------------	---	----

## Lista de Figuras

- Figura 2.1 Valores médios de número de animais, idade, peso aos 550 dias e ganho médio diário para tourinhos Nelore em cada uma das 43 provas de ganho em peso. .... 36
- Figura 2.2 Valores das acurácias obtidas nos modelos mistos e de correlação de Spearman entre os valores genéticos preditos nos modelos mistos e os resíduos dos quadrados mínimos para tourinhos Nelore em provas de ganho em peso. .... 38
- Figura 2.3 Porcentagem de tourinhos Nelore mantidos a pasto em provas de ganho em peso selecionados com comum entre os modelos mistos e quadrados mínimos com intensidade de 10% (à esquerda) e 20% (à direita). .... 39

## Lista de Abreviações

BLUP	Melhor preditor linear não viesado
EMM	Equações de modelos mistos
GC	Grupos de contemporâneos
GMD	Ganho médio diário
IPGP	Índice final da prova de ganho em peso
MCMC	Método de Monte Carlo via Cadeias de Markov
MM	Modelos Mistos
MQM	Método dos quadrados mínimos
P550	Peso ajustado para 550 dias de idade
PGP	Prova de Ganho em peso
REML	Máxima verossimilhança restrita

## Resumo

Objetivou-se com o presente trabalho estudar diferentes alternativas de avaliação genética de tourinhos Nelore provenientes de provas de ganho em peso a pasto com o intuito de avaliar qual o mais adequado para efeito de seleção. As características analisadas foram peso aos 550 dias de idade (P550), ganho médio diário (GMD) e um índice, que ponderava os desvios de GMD por 0,6 e de P550 por 0,4. Foram utilizadas informações de 3.796 tourinhos Nelore, mantidos em regime exclusivo de pasto. Os animais participaram de 43 provas de ganho em peso realizadas pelo grupo Provados a Pasto, realizadas entre 1997 e 2008 em fazendas comerciais no estado de Goiás. Primeiramente foram comparados o método dos quadrados mínimos e a metodologia dos modelos mistos para avaliar e classificar os animais. Os valores de herdabilidade estimados foram de 0,73, 0,31 e 0,44 para P550, GMD e índice, respectivamente. Os tourinhos foram classificados com base nos desvios do método dos quadrados mínimos e nos valores genéticos preditos. Apesar dos valores das correlações obtidos entre as duas alternativas de avaliação serem altos, existiram diferenças nos números de animais selecionados em comum quando se utilizou cada um dos métodos. Os valores de acurácia nos modelos mistos foram superiores aos do método dos quadrados mínimos. Desta forma, os modelos mistos se mostraram superiores ao método dos quadrados mínimos e seu uso pode ser implementado em provas de ganho em peso para se predizer com maior acurácia os valores genéticos. Posteriormente, via amostrador de Gibbs, foram estimados componentes de variância para as mesmas variáveis, partindo de modelos animais bicaracterísticas. As médias a posteriori (intervalos de alta densidade 95%) das herdabilidades estimadas foram de 0,74 (de 0,55 a 0,93), 0,34 (de 0,22 a 0,47) e 0,45 (de 0,29 a 0,59) para P550, GMD e índice, respectivamente. As médias a posteriori (intervalos de alta densidade 95%) das correlações genéticas foram de 0,74 (de 0,60 a 0,87) entre P550 e GMD, 0,84 (de 0,75 a 0,92) entre P550 e índice e 0,97 (de 0,95 a 0,99) entre GMD e índice. A seleção para aumentar o P550 proporcionou maiores respostas correlacionadas em GMD e IND do que a seleção direta para estas características. Desta forma, o P550 pode ser considerado o melhor critério de seleção em provas de ganho em peso a pasto.

Palavras-Chave: correlação, herdabilidade, inferência bayesiana, modelos mistos, quadrados mínimos, seleção.

## Abstract

This work aimed to study different methods of genetic evaluation of Nelore young bulls coming from pasture performance tests with the objective of evaluating which method is the most adequate to proceed the selection. The traits analyzed were body weight fitted to the age of 550 days (W550), average daily gain (ADG) and an index that pondered the deviation of ADG by 0.6 and the deviation of P550 by 0.4. The information used came from 3,796 Nelore young bulls kept in exclusive pasture regimen. The animals were participants of 43 pasture performance tests attained by the group Provados a Pasto, that occurred between 1997 and 2008 in commercial farms in the state of Goiás. First of all, the least squares method and the mixed models were compared to evaluate and rank the animals. The heritability values were 0.73, 0.31 and 0.44 for P550, ADG and index, respectively. The young bulls were classified according to the residuals in the least squares methods and the predicted breeding values in the mixed models. Despite the values of the correlation obtained between both selection alternatives were high, there were differences in the number of animals selected in common when each method was used. The accuracy values in the mixed models were greater than those obtained with the least squares method. In this way, the mixed models have shown themselves as a more appropriate method than the least squares, and its usage should be implemented in performance tests to predict breeding values with bigger accuracy. After this, by Gibbs sampler, variance components for the same traits were estimated, in a multitrait animal model. The posteriori means (higher posterior density at 95%) for the estimated heritability was 0.74 (to 0.55 from 0.93), 0.34 (to 0.22 from 0.47) and 0.45 (to 0.29 from 0.59) for P550, ADG and index respectively. The posteriori means (higher posterior density at 95%) for the genetic correlation was 0.74 (to 0.60 for 0.87) between W550 and ADG, 0.84 (to 0.75 from 0.92) between W550 and index and 0.97 (to 0.95 for 0.99) between ADG and index. The selection to increase W550 value has provided greater correlated responses in ADG and index than the direct selection for these traits. So, W550 could be considered the best selection criteria in pasture performance tests.

Word-keys: Bayesian inference, genetic correlation, heritability, least squares, mixed models, selection.

## Capítulo 1 – Considerações Gerais

### Introdução

O desempenho de um indivíduo é dependente de seu valor genético e de efeitos ambientais. Como forma de aumentar o desempenho, são realizados programas de melhoramento genético, que consistem em utilizar os melhores reprodutores de uma população para constituir a próxima geração, que será geneticamente composta por uma amostra aleatória dos alelos dos indivíduos selecionados como pais. Porém, existe um entrave neste processo; a identificação dos valores genéticos dos candidatos à reprodução.

Para que se possa realizar a seleção dos animais, deve-se identificar aqueles que possuam melhores valores genéticos dentro da população candidata, porém este processo é feito a partir de estimativas, uma vez que, em função da natureza quantitativa dos genes que governam as características de interesse econômico, o verdadeiro valor genético não pode ser conhecido. Desta forma, o sucesso de um programa de melhoramento depende diretamente da qualidade da estimativa dos parâmetros genéticos, inclusive dos valores genéticos dos animais.

Diferentes métodos estatísticos vêm sendo empregados em avaliações genéticas de animais, porém, em gado de corte no Brasil, ainda é pequena a oferta de touros avaliados e identificados como geneticamente superiores. A ausência de reprodutores geneticamente avaliados no mercado atrasa o progresso genético da população de bovinos de corte no País e, conseqüentemente, o desempenho médio dos animais.

O rebanho bovino Brasileiro é constituído de 176,6 milhões animais, sendo 77,22% considerados do tipo corte. Cerca de 41% destes animais são fêmeas em idade reprodutiva, o que representa 56,11 milhões de fêmeas aptas à reprodução (AgraFNP, 2011). No ano de 2010, 7,01 milhões de doses de sêmen de animais de corte foram comercializadas (ASBIA, 2011), número suficiente para inseminar 4,38 milhões de vacas, considerando 1,6 doses de sêmen por vaca. Desta forma, 51,73 milhões de fêmeas com aptidão para corte se reproduzem a partir de monta natural, o que em uma relação touro vaca de 1:35 e com 25% de troca de reprodutores ao ano (Pereira, 2008), leva a uma demanda anual de 369 mil tourinhos de corte, aproximadamente.

Em função da baixa oferta de touros jovens, grande quantidade dos animais disponíveis acaba sendo direcionada para reprodução, mesmo sem resultados de avaliação genética, isso inclui diversos candidatos que possuem valores genéticos abaixo da média da população. Além disso, os reprodutores acabam permanecendo mais tempo no rebanho, o que leva a um atraso na evolução genética anual devido ao aumento do intervalo de gerações. O uso de reprodutores por longos períodos também acarreta em diminuição da taxa de prenhez, uma vez que as funções reprodutivas dos touros diminuem em função do aumento da idade (Amaral et al, 2009).

A rentabilidade da bovinocultura de corte, consequência de múltiplos fatores relacionados à produção animal, fica comprometida caso não haja aumento do potencial genético do rebanho. Para melhorar a eficiência econômica, então, deve ser disponibilizado maior número de tourinhos com qualidade genética superior, selecionados a partir da avaliação de todos os animais. Uma das formas de se encontrar candidatos a reprodutores é a realização de Provas de Ganho em Peso (PGP) nas propriedades (Razook et al., 1997) em que os animais são mantidos em ambiente controlado e posteriormente classificados de

acordo com o seu desempenho. As informações destas provas são analisadas estatisticamente por meio do método dos quadrados mínimos, em que os desempenhos dos animais são corrigidos para os efeitos fixos considerados no modelo. Este método por sua vez é indicado apenas para características de herdabilidade de alta magnitude. Para que se possam incluir outras variáveis no modelo é indicado o uso da metodologia dos modelos mistos, que considera também efeitos aleatórios, como o valor genético aditivo de cada indivíduo. A inclusão da matriz dos numeradores do coeficiente de parentesco pode ser utilizada neste método e permite a utilização de informações de diferentes provas para aumentar a qualidade das predições. Em adição, a utilização de Inferência Bayesiana para análise dos dados de provas de ganho em peso também pode ser bastante útil, devido à necessidade de um menor tamanho amostral.

### **Provas de Ganho em Peso**

Uma alternativa para aumentar a oferta de animais com avaliações genéticas é a realização de provas de ganho de peso (PGP) nas propriedades. A PGP é uma ferramenta que auxilia na identificação de animais de desempenho produtivo superior (Josahkian et al., 2009). Essas provas são bastante úteis na seleção de candidatos a reprodutores, uma vez que é possível incluir indivíduos sem avaliação genética e com genealogia desconhecida.

O uso de PGP é importante para o produtor, pois permite a avaliação e classificação dos animais participantes, agregando valor aos indivíduos de melhor desempenho. Estas provas também são importantes para o melhoramento genético de bovinos de corte, uma vez que permitem avaliações precoces dos candidatos a reprodutores diminuindo o

intervalo de gerações e, conseqüentemente, aumentando o ganho genético anual. Seu baixo custo em relação a outros métodos de avaliação permite a avaliação de um maior número de animais, o que melhora a intensidade de seleção realizada (Razook et al., 1997). Estas provas consistem em submeter animais a um mesmo regime alimentar e de manejo e avaliar o desempenho ao final. Para manter a uniformidade de tratamento são formados grupos contemporâneos (GC). Dentro de cada GC os animais devem pertencer ao mesmo grupo racial e sexo e o intervalo das datas de nascimento deve compreender um período de, no máximo, 90 dias (Josahkian et al., 2009).

As PGP podem ocorrer em confinamento ou a pasto; ambas exigem um período de adaptação para que a variabilidade decorrente do manejo anterior à prova seja menor. Os períodos de adaptação e de prova propriamente dita variam de acordo com a modalidade da prova. Todos os animais são pesados regularmente no decorrer da PGP. Outras medidas, como as de escore visual, perímetro escrotal etc, também podem ser obtidas (Josahkian et al, 2009).

Mesmo com todo o esforço para deixar os lotes com animais uniformes entre si não é possível manter apenas animais com exatamente a mesma idade participando das provas. Então, após o período do teste, para que se possa comparar as informações, deve-se padronizar os pesos de saída das provas a uma idade fixa. Esta padronização pode ser feita por meio da seguinte fórmula:

$$P_{FINALP} = \left( \frac{P_{FINAL} - P_{INICIO}}{I_{FINAL} - I_{INICIO}} \right) \times (I_{FINALP} - I_{INICIO}) + P_{INICIO}$$

em que:  $P_{FINALP}$  = peso padronizado para a idade final P;  $P_{FINAL}$  = peso real ao final da prova;  $P_{INICIO}$  = peso real após o período de adaptação;  $I_{FINAL}$  = idade real ao final da

prova;  $I_{INICIO}$  = idade após o período de adaptação; e  $I_{FINALP}$  = idade padronizada ao final da prova.

E para estimar o ganho médio diário durante a prova, usa-se a seguinte fórmula:

$$GMD_p = \frac{P_{FINAL} - P_{INICIO}}{P}$$

em que:  $GMD_p$  = ganho em peso médio diário durante o período de duração  $P$ ;  $P_{FINAL}$  = peso real ao final da prova; e  $P_{INICIO}$  = peso real no início da prova, após o período de adaptação.

Após o termino da PGP ocorre a classificação dos animais, que se dá de acordo com índices IPGP (Índice Final da Prova de Ganho em Peso). Estes índices variam de acordo com as informações coletadas e podem incluir características referentes ao peso do animal, ganho em peso, escores visuais, dados de ultrassonografia e medidas de perímetro escrotal.

Além de servirem para gerar o IPGP, as informações podem ser analisadas a partir do método de quadrados mínimos. Neste método todos os fatores ambientes considerados no modelo são ajustados. Para uma avaliação mais correta deve-se identificar e incluir no ajuste os fatores que influenciam o fenótipo dos tourinhos (Liu & Makarechian, 1993).

### **Método dos Quadrados Mínimos**

O método dos quadrados mínimos é utilizado quando uma variável dependente ( $y$ ) pode ser descrita por meio de outras variáveis independentes ( $x_1, x_2, \dots, x_v$ ), ou seja, a variável  $y$  é função das outras variáveis. O que este método busca é estimar valores para a

variável dependente por meio de soluções das variáveis independentes. As soluções de mínimos quadrados são aquelas que tornam mínima a diferença entre o quadrado da diferença entre os valores obtidos por meio dos estimadores e dos valores observados (Silva et al., 2008).

À diferença entre os valores estimados e observados da variável dependente é dado o nome de “resíduo” (ou “erro”). É exigido que o resíduo seja aleatória, normal e independentemente distribuído. Outro requisito para este tipo de método é a exigência de uma relação linear entre as variáveis.

Em provas de ganho em peso este método é geralmente o mais utilizado para avaliação e classificação dos animais. Uma vez que são conhecidos os fatores que vão influenciar o crescimento dos animais submetidos à prova, são calculadas as soluções para cada um destes fatores. Com os valores estimados das soluções, pode-se estimar também o valor da variável dependente ( $y$ ), sendo este valor chamado de “valor corrigido para os efeitos fixos”. Haverá então uma diferença entre os valores corrigidos e observados, o resíduo, que nas provas de ganho em peso poderá ser considerado como uma estimativa grosseira do valor genético; uma vez que todos os efeitos ambientes foram excluídos numericamente do modelo, espera-se que a diferença entre os indivíduos se dê pelo valor genético, além do resíduo.

Visto que os valores do resíduo incluem os valores genéticos, estes podem ser usados para classificar os animais, porém, deve-se usar com cautela este método, uma vez que ele só é eficiente para características com herdabilidade de moderada a alta magnitude. Os valores do resíduo não incluem apenas os valores genéticos e, características de menor herdabilidade, vão possuir uma menor proporção do valor genético no resíduo do método dos quadrados mínimos. Outra limitação deste método é que ele apenas utiliza dados dos

animais pertencentes à mesma prova, deixando-se de lado todas as informações referentes a outras provas. Não há incorporação de matriz de parentesco ao modelo, o que também impossibilita a estimação de valores genéticos dos animais a partir do desempenho de seus parentes. Assim, com a utilização de métodos estatísticos mais refinados, como a Metodologia dos Modelos Mistos, seria possível utilizar os dados de todas as gerações avaliadas, além de combinar os dados dos animais parentes para melhorar a acurácia das predições.

Os dados das PGP, usualmente analisados por meio do Método de Quadrados Mínimos, podem ser submetidos a outros métodos, que incluam a matriz de parentesco. A utilização do modelo animal permite a utilização dos dados de outras gerações, lotes, grupos, etc., para melhorar a acurácia das predições.

### **Metodologia dos Modelos Mistos**

A incorporação da matriz de parentesco nos modelos de avaliação genética permite a análise dos dados por meio do modelo animal, que é classificado como um Modelo Misto (MM). Para que se possa, na mesma análise, estimar as soluções para os efeitos fixos e prever os aleatórios, deve-se utilizar a metodologia dos modelos mistos (Henderson et al., 1959). Ambos os métodos, quadrados mínimos e MM, estimam os efeitos fixos, mas o MM tem condições de prever efeitos aleatórios usando a covariância entre as observações (Walsh, 1999). Desta forma, a metodologia de MM pode ser utilizada para avaliação de características de herdabilidade de baixa magnitude. Em provas de ganho em peso, o uso de modelos mistos pode aumentar a acurácia das estimativas, em relação ao método dos quadrados mínimos. Toral & Alencar (2010) compararam a metodologia de

modelos mistos e avaliação por meio do método dos quadrados mínimos em provas de desempenho com animais cruzados Charolês x Nelore, e concluíram que a classificação baseada nos valores genéticos preditos foi mais adequada que a baseada nos valores fenotípicos ajustados.

Considerando um modelo que contempla efeitos fixos e aleatórios, um modelo linear misto pode ser descrito como (Silva et al., 2008):

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

em que:  $y$  representa o vetor com as observações;  $X$  representa a matriz de incidência dos efeitos fixos;  $\beta$  representa o vetor com as soluções dos efeitos fixos;  $Z$  representa a matriz de incidência dos efeitos genéticos (efeito aleatório);  $a$  representa o vetor com as soluções dos efeitos aleatórios (valores genéticos dos animais); e  $e$  representa o resíduo (ou erro) associado a cada observação.

Os vetores  $y$ ,  $a$  e  $e$  devem possuir distribuição normal multivariada:

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ \Phi \\ \Phi \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} ZGZ'+R & ZG & R \\ GZ' & G & \Phi \\ R & \Phi & R \end{bmatrix} \right\}$$

em que:  $G = A \times \sigma_a^2$ , sendo  $A$  = matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright e  $\sigma_a^2$  = variância genética aditiva; e  $R = I \times \sigma_e^2$ , sendo  $I$  = matriz identidade de ordem igual ao número de indivíduos e  $\sigma_e^2$  = variância residual.

Para que se possam estimar os efeitos fixos e prever os aleatórios (representados por  $\beta$  e  $a$ ) deve ser resolvido o seguinte sistema de equações dos modelos mistos:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

em que:  $A^{-1}$  = inversa da matriz dos numeradores do coeficiente de parentesco entre os indivíduos;  $\alpha$  = razão entre variância residual e variância aditiva direta.

Em provas de ganho em peso são observadas, geralmente, mais de uma característica. Um modelo animal multicaracterísticas, que contempla duas ou mais características simultaneamente, é aquele que permite analisar não somente as variâncias dos parâmetros envolvidos, mas também a covariância entre eles, o que permite estimar correlações genéticas e ambientais entre as características (Schaeffer, s/a(a)). Um modelo animal com duas características, na forma matricial pode ser definido como:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & \Phi \\ \Phi & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & \Phi \\ \Phi & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Pode-se notar que as características analisadas são diferenciadas pelos índices 1 e 2. Para este tipo de modelo, com as mesmas características deve-se seguir as seguintes pressuposições (Silva et al., 2008):

$$V \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{a_1}^2 & A\sigma_{a_{12}} & \Phi & \Phi \\ A\sigma_{a_{12}} & A\sigma_{a_2}^2 & \Phi & \Phi \\ \Phi & \Phi' & I\sigma_{e_1}^2 & I\sigma_{e_{12}} \\ \Phi & \Phi & I\sigma_{e_{12}} & I\sigma_{e_2}^2 \end{bmatrix}$$

em que:  $\sigma_{eij}$  e  $\sigma_{aij}$  = os componentes de covariância residual e de genética aditiva entre as características i e j.

Para estimar os componentes de variância, visando a predição de valores genéticos uma alternativa bastante precisa é o método de máxima verossimilhança restrita (REML – *restricted maximum likelihood*). Este método se mostra adequado por apresentar as

propriedades desejáveis de translação invariante (não afetados por mudanças nos efeitos fixos); suficiência, consistência e eficiência; propostas por Kennedy (1981). Além disso, os estimadores REML não são viesados e o método permite a utilização de dados não balanceados (Harville, 1977).

Componentes de variância podem também ser descritos por meio de inferência bayesiana, que lança mão de métodos probabilísticos, que geram valores aleatórios de distribuições condicionais marginais para cada variável no modelo (Schaeffer, s/a(b)).

### **Inferência Bayesiana**

No contexto dos modelos mistos, a abordagem bayesiana se diferencia da estatística frequentista, pois utiliza conceitos probabilísticos para descrever incertezas sobre as quantidades. Uma vez que não se conhece o valor de uma determinada quantidade que se tem interesse, o método bayesiano procura diminuir a incerteza (e o desconhecimento) sobre esta quantidade de interesse. Quando existe algum conhecimento da incerteza sobre este valor, este é incluído na análise como informação a priori, e a incerteza passa a ser atualizada. Desta forma, não são feitas distinções entre quantidades observáveis e parâmetros em um modelo estatístico; todos são considerados como quantidades aleatórias (Rossi, 2009). Esta diferente visão pode fornecer algumas vantagens em relação aos resultados obtidos nas análises.

O fato de se considerar todos os parâmetros como variáveis aleatórias, elimina o conceito de estimativas viesadas (Blasco, 2001, Silva et al., 2005). Além disso, o uso de Inferência Bayesiana necessita de um menor número de observações, pois a aplicação de

conceitos probabilísticos reduz a dependência do ajuste em relação aos dados (Silva et al., 2006).

Uma vez que o método é mais vantajoso, pode-se perguntar a razão de a inferência bayesiana não ter sido o método estatístico de eleição para aplicação no melhoramento animal. Para o uso dos métodos bayesianos, era necessário resolver problemas envolvendo a resolução de integrais múltiplas que teriam sua resolução impraticável. Muitos destes entraves na utilização da Inferência Bayesiana foram solucionados por meio da utilização de métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC). Uma cadeia de Markov é um processo aleatório em que os valores gerados apresentam uma dependência do estado atual do sistema, mas não do estado em tempos passados. Estes valores são considerados amostras aleatórias de uma distribuição de probabilidade, o que caracteriza o método de simulação de Monte Carlo (Silva, 2006).

O algoritmo amostrador de Gibbs é um dos principais na aplicação de MCMC. Este algoritmo amostra valores de uma cadeia de Markov em um processo iterativo que consiste em obter uma distribuição univariada de cada parâmetro desconhecido condicional aos outros parâmetros desconhecidos e, posteriormente, extrair uma amostra aleatória desta distribuição condicional obtida anteriormente. Os valores obtidos no segundo passo são utilizados para gerar novos valores de distribuição, e o processo segue até que a sequência de valores gerados se aproxima de uma distribuição de equilíbrio (Blasco, 2008). Em melhoramento animal utiliza-se o amostrador de Gibbs para obter os estimadores Bayesianos dos valores genéticos, baseado em uma função densidade marginal que leva em consideração as incertezas a respeito dos componentes de variância e dos efeitos ambientais.

## Objetivos

O objetivo geral do presente estudo foi o de avaliar diferentes métodos de avaliação genética de tourinhos Nelore provenientes de provas de ganho em peso a pasto com o intuito de identificar qual o mais adequado para efeito de seleção.

Os objetivos específicos foram:

- Estimar componentes de covariância e parâmetros genéticos para o peso ajustado aos 550 dias de idade, ganho em peso e um índice que ponderava os desvios do peso aos 550 dias por 0,4 e o ganho em peso durante a prova por 0,6, utilizando modelos animais uni e bicaracterísticas.

- Classificar os animais por meio do método dos quadrados mínimos e dos modelos mistos (modelo animal), comparando os resultados de acurácia, correlação de ranking, animais selecionados em comum, e verificar se a inclusão de informações cada prova no sistema de equações afeta estes resultados.

- Estimar componentes de covariância para as características estudadas por meio de modelos animais bicaracterísticas utilizando inferência bayesiana, e utilizar os parâmetros genéticos estimados para calcular a resposta direta e indireta à seleção.

## Referências

- AgraFNP. **Anualpec 2011: anuário da pecuária brasileira**. São Paulo: Agra FNP Pesquisas Ltda, 2011. 360p.
- AMARAL, T.B., SERENO, J.R.B., PELLEGRIN, A.O. **Fertilidade, funcionalidade e genética de touros zebuínos**. Corumbá. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, 1999.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE INSEMINAÇÃO ARTIFICIAL - ASBIA. **Relatório estatístico de produção, importação e comercialização de sêmen**. 2010. 18p.
- BLASCO, A. **An easy introduction to Bayesian statistics with MCMC**. 128p. Notas de Curso. Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.
- BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, v. 79, p.2023-2046, 2001.
- HARVILLE, D.A. Maximum likelihood approaches to variance component estimation and to related problems. **Journal of the American Statistics Association**, v.72, p.320-328, 1977.
- HENDERSON, C.R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v.31, p.423-447, 1975.
- JOSAHKIAN, L.A.; LUCAS, C.H.; MACHADO, C.H.C. **Manual do Serviço de Registro Genealógico das Raças Zebuínas e PMGZ**. Uberaba: Associação Brasileira dos Criadores de Zebu, 2009. 190p.
- KENNEDY, B.W. Variance component estimation and prediction of breeding values. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, v.23, p.565-578, 1981.
- LIU, M.F.; MAKARECHIAN, M. Factors influencing growth performance of beef bulls in a test station. **Journal of Animal Science**, v. 71, p.1123-1127, 1993.
- PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 5ª ed. Belo Horizonte: Fundação de Estudo e Pesquisa em Medicina Veterinária e Zootecnia, 2008. 618p.
- RAZOOK, A.G.; FIGUEIREDO, L.A.; CYRILLO, J.N.S.G. et al. **Prova de ganho de peso: normas adotadas pela Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho**. Nova Odessa: Instituto de Zootecnia, 1997. 42p. (Boletim Técnico, 40).
- ROSSI, R.M. Inferência Bayesiana aplicada à zootecnia, **Notas de Aula**, Universidade Estadual de Maringá, 2009.
- SCHAEFFER, L.R. **Multiple Traits**, Notas de Aula, Disponível em <<http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/ABModels/NOTES/multiple.pdf>> s/a(a).
- SCHAEFFER, L.R. **Bayesian Models**, Notas de Aula, Disponível em <<http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/ABModels/NOTES/vcBAYES.pdf>> s/a(b).
- SCHENKEL, F.S.; MILLER, S.P.; JAMROZIK, J. et al. Two-step and random regression analyses of weight gain of station-tested beef bulls. **Journal of Animal Science**, v.80, p.1497-1507, 2002.
- SCHENKEL, F.S.; MILLER, S.P.; WILTON, J.W. Herd of origin effect on weight gain of station-tested beef bulls **Livestock Production Science**, v.86, p.93-103, 2004.
- SILVA, F.F. **Análise Bayesiana do modelo auto-regressivo, ar(p), para dados em painel: aplicação na avaliação genética de touros Nelore**. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agropecuária) 112p. Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2006.

- SILVA, F.F.; MUNIZ, J.A.; AQUINO, L.H. et al. Abordagem Bayesiana da curva de lactação de cabras Saanen de primeira e segunda ordem de parto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.40, p.27-33, 2005.
- SILVA, M.A.; THIÉBAUT, J.T.L.; VALENTE, B.D. et al. **Modelos Lineares aplicados ao melhoramento genético animal**. Belo Horizonte: Fundação de Estudo e Pesquisa em Medicina Veterinária e Zootecnia, 2008. 375p.
- SILVA, N.M.A.; MUNIZ, J.A.; SILVA, F.F. et al. Estudo de parâmetros de crescimento de bezerras Nelore por meio de um modelo de regressão linear: uma abordagem Bayesiana. **Ciência Animal Brasileira**, v.7, p. 57-65, 2006.
- TORAL, F.L.B.; ALENCAR, M.M. Alternatives for analysis performance data and ranking of Charolais x Nelore crossbred bulls in performance tests. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.1483-1490, 2010.
- WALSH, J. B. **Mixed-Model and Bayesian Analysis of Short-Term Selection Experiments**. Documento eletrônico, disponível em <[http://nitro.biosci.arizona.edu/zbook/volume\\_2/chapters/vol2\\_07.htm](http://nitro.biosci.arizona.edu/zbook/volume_2/chapters/vol2_07.htm)>. Último acesso em 20/01/2012. 1999.

## Capítulo 2 – Parâmetros genéticos e alternativas para avaliação e classificação de tourinhos Nelore em provas de ganho em peso a pasto

### Resumo

O presente trabalho teve como objetivo estimar componentes de variância para peso aos 550 dias, ganho médio diário e um índice com essas duas características e comparar alternativas para avaliação e classificação de tourinhos da raça Nelore em provas de ganho em peso a pasto. Os valores de herdabilidade estimados foram de 0,73, 0,31 e 0,44 para peso aos 550 dias, ganho médio diário e índice, respectivamente. Os animais foram classificados com base nos valores genéticos preditos ou nos desvios em relação às médias das provas. Apesar dos valores das correlações entre as duas alternativas de avaliação terem sido altos, houve diferenças nos números de animais selecionados em comum quando os critérios de seleção foram os valores genéticos preditos ou os desvios das médias. Os modelos mistos se mostraram superiores ao método dos quadrados mínimos e devem ser utilizados para avaliação de tourinhos em provas de ganho em peso.

**Palavras-chave:** quadrados mínimos, modelos mistos, seleção, correlação, herdabilidade

## Introdução

O rebanho bovino Brasileiro é constituído de 176,6 milhões de animais, sendo 77,5% considerados do tipo corte. Cerca de 41% desses animais são fêmeas em idade reprodutiva, o que representa 56,1 milhões de fêmeas de corte aptas à reprodução (AgraFNP, 2010). No ano de 2010, aproximadamente 7 milhões de doses de sêmen foram comercializadas (ASBIA, 2011), número suficiente para inseminar 4,4 milhões de vacas, considerando 1,6 doses de sêmen por vaca. Desta forma, 51,7 milhões de fêmeas com aptidão para corte se reproduzem a partir de monta natural, o que em uma relação touro vaca de 1:35 e com 25% de troca de reprodutores ao ano (Pereira, 2008), leva a uma demanda anual de 369 mil tourinhos, aproximadamente.

Uma das alternativas para identificar os valores genéticos dos animais é a prova de ganho em peso (PGP). Estas provas zootécnicas são recomendadas quando os critérios de seleção possuem herdabilidades de alta magnitude. Nas provas, os animais são mantidos sob as mesmas condições de ambiente e os dados de desempenho são analisados para classificação dos candidatos à reprodução (Razook et al., 1997). Esta classificação é realizada por meio do método de quadrados mínimos, no qual os dados são ajustados para os efeitos fixos e as diferenças entre os animais após o ajuste são usadas como indicativo de diferenças nos valores genéticos.

Para que se possa, na mesma análise, estimar as soluções para os efeitos fixos e prever os aleatórios, deve-se utilizar a metodologia dos modelos mistos (Henderson et al., 1959). No contexto dos modelos mistos, o modelo animal pode ser uma opção interessante para avaliação dos dados das PGP porque permite a incorporação dos dados de outras provas e considerar o parentesco entre animais, por meio da inclusão da matriz dos

numeradores do coeficiente de parentesco entre os indivíduos, o que aumenta a acurácia dos valores preditos.

Tendo em vista que é necessário identificar uma quantidade maior de tourinhos, e proceder essas avaliações com maior acurácia, o objetivo no presente estudo foi estimar componentes de (co)variância para peso padronizado aos 550 dias, ganho médio diário e um índice, que ponderava o peso final por 0,4 e o ganho médio diário por 0,6, e avaliar alternativas de análises e de classificação de dados de performance de tourinhos da raça Nelore submetidos a provas de ganho em peso a pasto.

### **Material e Métodos**

Os dados utilizados neste trabalho foram provenientes de 3.796 animais da raça Nelore, que participaram de 43 provas de ganho em peso realizadas pelo grupo Provados a Pasto. As provas foram realizadas entre 1997 e 2008 em fazendas comerciais no estado de Goiás.

Os animais demandados iniciaram a prova com idades entre 214 e 320 dias. Após a pesagem de entrada, os animais passaram por um período de adaptação com duração média de 70 dias. Ao final deste período, houve a pesagem inicial e, na sequência o início da prova, com duração média de 221 dias.

Os pesos ao final da prova foram padronizados para 550 dias de idade (P550) por meio de ajustes lineares que consideraram os ganhos médios diários no período de prova.

As características analisadas foram peso ajustado aos 550 dias (P550), ganho médio diário (GMD), e um índice (IND) obtido ponderando-se os desvios padronizados de P550 e GMD por 0,4 e 0,6 respectivamente (Razook et al., 1997). Os desvios foram calculados por meio da seguinte fórmula:

$$d_{hij} = \frac{\text{observação}_{hij} - \overline{\text{observação}_{hj}}}{\hat{\sigma}_{\text{observação}_{qj}}}$$

em que:  $dp_{hij}$  = desvio padronizado da característica  $h$  do animal  $i$  na PGP  $j$  ;  
 $\text{observação}_{hij}$  = valor observado do animal  $i$  para a característica  $h$  na PGP  $j$  ;  
 $\overline{\text{observação}_{hj}}$  = valor médio da característica  $h$  na PGP  $j$  ;  $\hat{\sigma}_{\text{observação}_{qj}}$  = desvio padrão estimado da característica  $h$  na PGP  $j$  .

As avaliações por meio do método dos quadrados mínimos foram realizadas para cada prova separadamente, incluindo-se a covariável idade ao final da prova como efeito fixo, a partir do seguinte modelo:

$$y_{hijk} = u_{hj} + b_{h(j)}(id_k) + e_{hijk}$$

em que:  $y_{hijk}$  = valor estimado do animal  $i$  pertencente a PGP  $j$  com idade  $k$  para a característica  $h$  ;  $u_{hj}$  = média estimada da prova  $j$  para a característica  $h$  ;  $id_k$  = idade do animal ao final da prova;  $b_{h(j)}$  = coeficiente de regressão linear para idade dentro da prova  $j$  para a característica  $h$  ;  $e_{hijk}$  = resíduo associado a cada observação.

Após o ajuste dos valores fenotípicos para o efeito de idade, o valor ajustado de cada animal continha o valor genético aditivo direto e um resíduo aleatório. Estes valores foram utilizados como critério de classificação. As análises e classificação dos animais foram realizadas por meio do programa R (R Project, versão 2.14).

Os animais também foram classificados de acordo com os BLUP (melhor preditor linear não viesado) dos valores genéticos aditivos diretos, obtidos por meio dos modelos mistos. Para estas análises foi considerado o seguinte modelo estatístico:

$$y_{hijk} = u_{hj} + PGP_{hj} + b_{h(j)}(id_k) + a_{hi} + e_{hijk}$$

em que:  $PGP_{hj}$  = efeito fixo da PGP  $j$  para a característica  $h$ ;  $a_{hi}$  = valor genético aditivo do animal  $i$  para a característica  $h$ ; e os demais termos conforme as definições já apresentadas. Sob a forma matricial este modelo estatístico pode ser descrito como:

$$y = Xb + Za + e$$

em que:  $y$  = vetor das observações;  $X$  = matriz de incidência associada aos efeitos fixos;  $b$  = vetor de soluções para os efeitos fixos de PGP e covariável idade;  $Z$  = matriz de incidência associada aos efeitos aleatórios;  $a$  = vetor de soluções para os efeitos aleatórios genético aditivo direto do animal;  $e$  = vetor dos resíduos.

Neste modelo, os componentes de variância foram estimados por meio do programa REMLF90 sob modelos animais uni e bi característicos, considerando todas as combinações possíveis entre os pares de características.

Posteriormente, para obtenção dos BLUPs dos valores genéticos aditivos diretos, no programa BLUPF90 e das VEP (variância do erro de predição), foram formados 43 arquivos com os dados dos animais pertencentes às provas. Desta forma, o arquivo 1 foi composto apenas pelos dados da PGP número 1, o arquivo 2 foi composto pelos dados das PGPs de numero 1 e 2, e assim sucessivamente, de forma que o arquivo 43 foi composto pelos dados de todas as PGPs. Assim, as equações dos modelos mistos para cada prova foram resolvidas apenas com dados disponíveis quando aquela prova foi realizada. Para cada prova, foram utilizadas apenas as soluções para os valores genéticos dos animais participantes resolvendo o seguinte sistema de equações dos modelos mistos (EMM):

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

em que:  $A^{-1}$  = inversa da matriz dos numeradores do coeficiente de parentesco entre os indivíduos; e  $\alpha$  = razão entre variância residual e variância aditiva direta.

Para compor a matriz de parentesco, foi utilizado um algoritmo recursivo para manter no banco de dados apenas os animais que tivessem informações e seus ancestrais. Todos os animais que não tinham observações, não eram pais de nenhum animal com dados coletados, não tinham pelo menos um progenitor conhecido e que eram ligados a apenas um animal do banco de dados foram excluídos. Este procedimento foi repetido até que não houvesse mais animais deste tipo. Desta forma, a matriz de parentesco foi composta por 5.230 animais.

As acurácias para os valores genéticos preditos foram calculadas a partir da seguinte equação, que estima a correlação entre o valor genético predito e o real (BIF, 2010):

$$acc_{hij} = \sqrt{\frac{\hat{\sigma}_{a_h}^2 - \hat{v}ep_{hij}^2}{\hat{\sigma}_{a_h}^2}}$$

em que:  $acc_{hij}$  = acurácia da predição do valor genético do animal  $i$  na PGP  $j$  para a característica  $h$ ;  $\hat{\sigma}_{a_h}^2$  = variância genética aditiva da característica  $h$ ; e  $\hat{v}ep_{hij}$  = variância do erro de predição para o animal  $i$  na PGP  $j$  para a característica  $h$ .

Posteriormente, foi calculada a correlação de Spearman entre os valores dos resíduos do método dos quadrados mínimos e os valores genéticos obtidos através do sistema de equações dos modelos mistos para cada prova. Os animais foram classificados de acordo com os critérios dos dois modelos e, posteriormente foi calculada a porcentagem de animais selecionados em comum em ambos os modelos, para os 10% e 20% melhores classificados.

## Resultados e Discussão

As médias  $\pm$  desvio padrão para P550 (Tabela 2.1) foram próximas aquelas encontradas por Yokoo et al. (2007) de  $347,14 \pm 63,55$  kg e de  $330,91 \pm 55,65$  kg por Koury Filho et al. (2009). Os resultados de GMD também foram próximos àqueles obtidos por Pereira et al. (2009) de  $0,445 \pm 0,20$  kg/dia. Apesar dos trabalhos terem sido realizados com machos e fêmeas, estes valores respaldam a utilização dos dados do presente estudo como representativos da população de animais machos da raça Nelore no Brasil.

Flutuações foram encontradas nos valores médios em cada prova (Figura 2.1), com exceção de IND, que como foi analisado como desvio de cada prova, teve seu valor médio padronizado para 100 em cada PGP. Também houve flutuações no número de animais e na idade média de cada prova.

Tabela 2.1 Estatísticas descritivas das características Peso aos 550 dias (P550), Ganho Médio Diário (GMD), Índice (IND) e Idade ao final da prova (Idade) para tourinhos Nelore submetidos a provas de ganho em peso

Característica	Observações	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo	Coefficiente de Variação (%)
P550 (kg)	3.796	325,96	40,69	186,8	466,8	12,48
GMD (kg/dia)	3.796	0,50	0,15	-0,018	0,96	30,00
IND	3.796	100	13,10	40,48	153,39	13,11
Idade (dias)	3.796	559	30,74	452	666	0,05

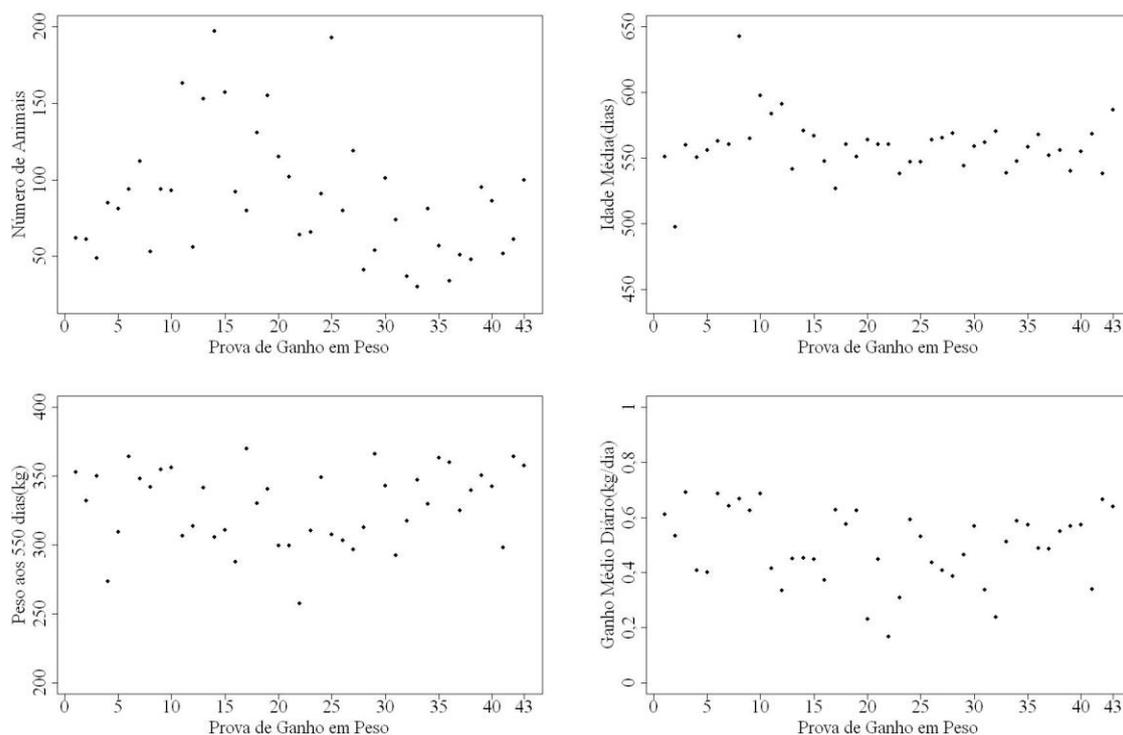


Figura 2.1 Valores médios de número de animais, idade, peso aos 550 dias e ganho médio diário para tourinhos Nelore em cada uma das 43 provas de ganho em peso.

Os valores de herdabilidade estimados foram de moderada a alta magnitude nas análises unicaracterísticas (Tabela 2.2). Nas análises bicaracterísticas os valores de herdabilidade estimados foram inferiores aos das análises unicaracterísticas, exceto para P550, onde não houve alteração. Para GMD os valores foram de 0,25 quando analisado com P550 e de 0,16 quando analisado com Índice. Para o Índice, os valores foram de 0,43 em análise com P550 e de 0,36 com GMD.

As estimativas de herdabilidade para peso aos 550 dias foram superiores àquelas de 0,34 relatadas por Boligon et al. (2009) e inferiores às de 0,75 encontradas por Gonçalves et al. (2011). Paneto et al. (2002) obtiveram valores de herdabilidade de 0,23 para GMD, sendo este um valor inferior àqueles encontrados no presente estudo, exceto na análise bicaracterística entre GMD e Índice (0,16). As estimativas de herdabilidade para Índice tenderam a se aproximar mais daquelas estimadas para GMD, concordando com Azêvedo

et al. (2005), que sugeriram que as herdabilidades dos índices tendem a se aproximar mais dos valores encontrados para a característica de menor herdabilidade.

As diferenças encontradas na literatura entre os valores de herdabilidade podem ser explicadas pelo forte controle ambiental que existe em uma prova de ganho em peso. Neste tipo de teste de desempenho os animais são sempre mantidos em condições ambientais com rigoroso controle, o que torna mais explícita as diferenças genéticas entre os animais, favorecendo a seleção pelo fenótipo.

Tabela 2.2 Estimativas de herdabilidade (na diagonal), correlações genéticas (acima da diagonal) e correlações fenotípicas (abaixo da diagonal), para Peso aos 550 dias (P550), Ganho Médio Diário (GMD) e Índice (IND) de tourinhos Nelore nas análises bicaracterísticas

	P550	GMD	IND
P550	0,73	0,71	0,84
GMD	0,69	0,31	1,00
IND	0,55	0,51	0,44

Considerando-se as estimativas de herdabilidade para as características P550, GMD e Índice, as acurácias para os critérios de seleção baseadas no MQM seriam 0,85, 0,55 e 0,65 (raízes quadradas das herdabilidades), para P550, GMD e IND, respectivamente, enquanto os valores médios obtidos por meio dos modelos mistos foram de 0,85, 0,59 e 0,69 (Figura 2.2), respectivamente. Estes valores de acurácia foram aumentando à medida que novas provas foram incluídas no sistema de equações para as características GMD e Índice ( $p < 0,01$ ). De acordo com Tosh & Wilton, um maior número de elos genéticos na matriz A

tem importante efeito na acurácia, o que explica o aumento desses valores. Uma vez que a acurácia é medida como função da variância do erro de predição e representa a correlação estimada entre o valor genético predito e o verdadeiro, por este acréscimo no seu valor, infere-se que os resultados das avaliações realizadas utilizando o modelo animal, além de serem mais adequados, se tornam mais próximos do valor verdadeiro, na medida em que se acrescentam dados. Toral & Alencar (2010) também encontraram valores de acurácia mais altos para os modelos mistos quando comparados ao método dos quadrados mínimos, e o aumento destes valores quando se incluíam mais provas na análise.

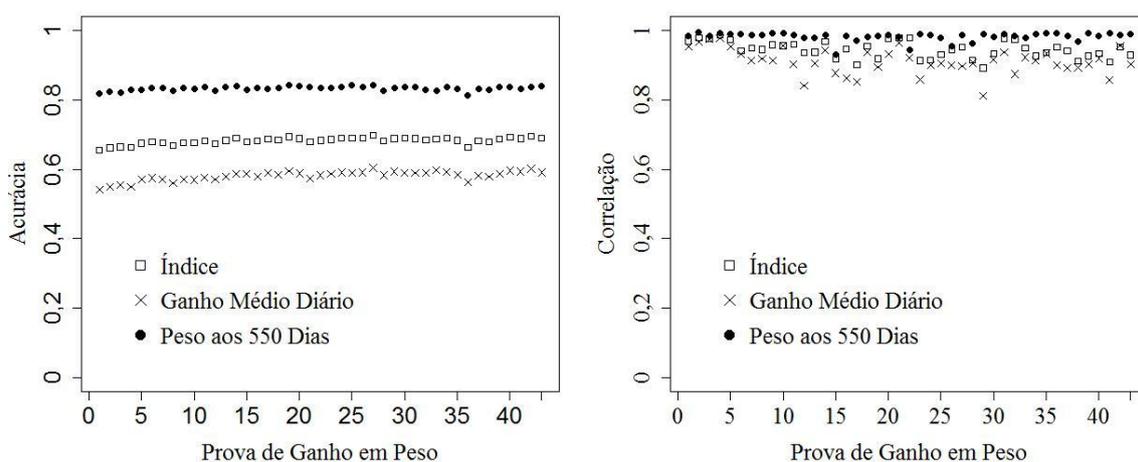


Figura 2.2 Valores das acurácias obtidas nos modelos mistos e de correlações de Spearman entre os valores genéticos preditos nos modelos mistos e os resíduos dos quadrados mínimos para tourinhos Nelore em provas de ganho em peso a pasto.

As correlações de Spearman entre os resultados dos resíduos do MQM e os valores genéticos estimados por meio das EMM tiveram média de 0,98, 0,91 e 0,94 para P550, GMD e índice, respectivamente (Figura 2.2). Resultados que concordam com Toral & Alencar (2010), que estimaram maiores valores de correlações para características de herdabilidade mais alta. Estes valores apresentaram uma redução significativa à medida

que eram acrescentados dados ao sistema de EMM para GMD e Índice ( $p < 0,05$ ). Houve casos onde os valores de correlação foram próximos a 0,8, o que sugere alguma diferença na classificação dos animais. A implicação destas diferenças foi observada quando foram comparados os animais selecionados em comum. Os valores médios foram de 88%, 66% e 79% para P550, GMD e IND, respectivamente, quando os 10% melhores animais foram selecionados e 92%, 76% e 81% quando os 20% melhores foram selecionados, respectivamente (Figura 2.3). Foi observada redução significativa no percentual de animais selecionados em comum com a adição de dados ao sistema de EMM apenas quando a intensidade foi de 10% nas características para GMD e Índice ( $p < 0,01$ ). Desta forma as diferenças entre os dois métodos poderiam aumentar com o passar do tempo.

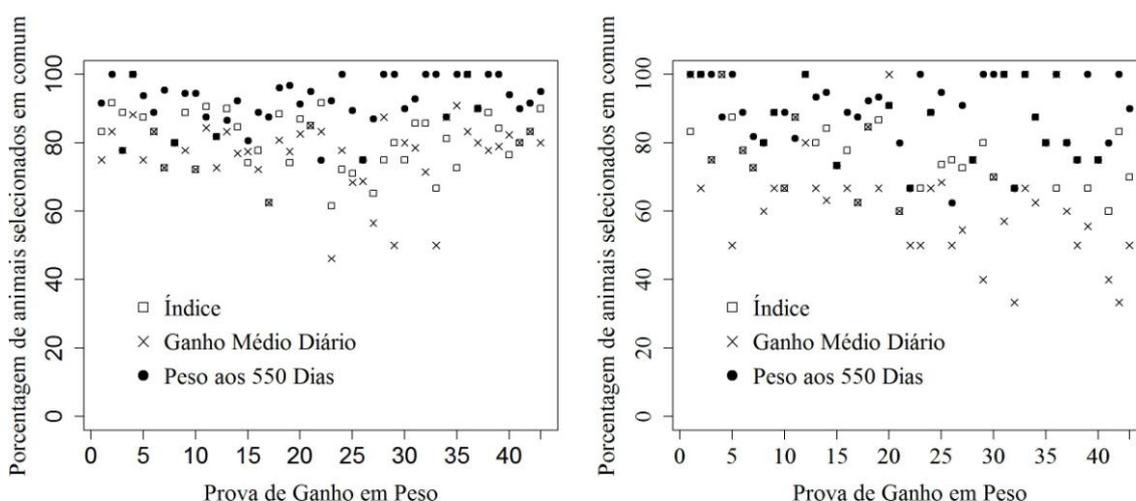


Figura 2.3 Percentagem de tourinhos Nelore avaliados em provas de ganho em peso a pasto e selecionados com comum entre os modelos mistos e quadrados mínimos com intensidade de 20% (à esquerda) e 10% (à direita).

Uma vez que os valores de acurácia foram superiores nos MM para as características GMD e Índice, é possível inferir que os valores genéticos preditos por meio deste método sejam mais próximos dos valores reais, quando comparados àqueles obtidos através do MQM. O aumento da acurácia quando foram incorporados novos dados a cada análise

indica que esta adição, juntamente com a inclusão da matriz dos numeradores do coeficiente de parentesco entre os indivíduos, permite melhores previsões por meio dos modelos mistos para as características GMD e Índice, já para a característica P550 não foram observadas estas mesmas diferenças entre o MQM e os modelos mistos, provavelmente em função do alto valor de herdabilidade estimado.

Uma vez que a seleção de animais em provas de ganho em peso é realizada pelos valores ajustados pelo método dos quadrados mínimos, animais de valor genético superior para GMD e Índice poderiam estar sendo descartados. Desta forma, a seleção fenotípica que é realizada nestas provas deverá favorecer animais com maior valor genético para P550, sem necessariamente serem estes também aqueles com maiores valores para as outras características. Isso pode resultar em aumento do peso dos animais no início da prova, ao invés de um aumento no ganho em peso durante a mesma.

### **Conclusões**

Existe, na população estudada, variância genética aditiva suficiente para melhoramento do peso ajustado aos 550 dias de idade, do ganho médio diário e do índice que contemplava as duas características. As previsões de valores genéticos por meio dos modelos mistos se mostraram mais adequadas quando comparadas àquelas obtidas pelo método dos quadrados mínimos para Ganho Médio Diário e Índice, não ocorrendo o mesmo com o Peso aos 550 dias. Selecionar animais apenas pelo valor fenotípico pode acarretar em uma incorreta classificação dos animais, podendo haver descarte de animais de valor genético superior para ganho médio diário e índice.

## Referências

- AGRAFNP. **Anualpec 2011: anuário da pecuária brasileira**. São Paulo: Agra FNP Pesquisas Ltda, 2011. 360p.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE INSEMINAÇÃO ARTIFICIAL - ASBIA. **Relatório estatístico de produção, importação e comercialização de sêmen**. 2010. 19p.
- AZEVÊDO, M.M.R.; MARTINS FILHO, R.; LÔBO, R.N.B. et al. Produtividade acumulada (PAC) das matrizes em rebanhos Nelore do norte e nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.54-59, 2005.
- BEEF IMPROVEMENT FEDERATION - BIF. **Guidelines for Uniform Beef Improvement Programs**. 9.ed .2010. 183p. Disponível em <<http://www.beefimprovement.org/PDFs/guidelines>> acesso em 18/09/2011.
- BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; MERCADANTE, M.E.Z. et al. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.2320-2326, 2009.
- DIAS, L.T.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de herdabilidade para perímetro escrotal de animais da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, p.1878-1882, 2003.
- GONÇALVES, F.M; PIRES, A.V.; PEREIRA, I.G. et al. Avaliação genética para peso corporal em um rebanho Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.63, p.158-164, 2011
- HENDERSON, C.R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S.R. et al. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, v.15, p.192-218, 1959.
- KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L.G.; ALENCAR, M.M. et al. Estimativas de herdabilidade e correlações para escores visuais, peso e altura ao sobreano em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.2362-2367, 2009
- PANETO, J.C.C.; LEMOS, D.C.; BEZERRA, L.A.F. et al. Estudo de características quantitativas de crescimento dos 120 aos 550 Dias de idade em gado Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, p.668-674, 2002.
- PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 5ª ed. Belo Horizonte: Fundação de Estudo e Pesquisa em Medicina Veterinária e Zootecnia, 2008. 618p.
- PEREIRA, M.A.; SOUZA, J.C.; MACHADO, C.H.C. Utilização de Características produtivas para seleção de bovinos Nelore criados em Goiás In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECCIA, 46., 2009, Maringá. **Anais...** Maringá. Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2009.
- RAZOOK, A.G.; FIGUEIREDO, L.A.; CYRILLO, J.N.S.G. et al. **Prova de ganho de peso: normas adotadas pela Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho**. Nova Odessa: Instituto de Zootecnia, 1997. 42p. (Boletim Técnico, 40).
- TOSH, J.J.; WILTON, J.W. Effects of data structure on variance of prediction error and accuracy of genetic evaluation. **Journal of Animal Science**, v.72 p.2568-2577, 1994.
- TORAL, F.L.B.; ALENCAR, M.M. Alternatives for analysis of performance data and ranking of Charolais x Nelore crossbred bulls in performance tests. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.1484-1490, 2010.

YOKOO, M.J.; ALBUQUERQUE, L.G.; LOBO, R.B. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para altura do posterior, peso e circunferência escrotal em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, p.1761-1768, 2007.

### Capítulo 3 – Parâmetros genéticos e respostas à seleção para características de crescimento de tourinhos Nelore em provas de ganho em peso a pasto

#### Resumo

Com presente trabalho objetivou-se estimar parâmetros genéticos e respostas à seleção para peso aos 550 dias (P550), ganho médio diário (GMD) e um índice com essas duas características com dados de tourinhos da raça Nelore em provas de ganho em peso a pasto. As médias a posteriori (intervalos de alta densidade 95%) da herdabilidade estimados foram de 0,74 (0,55 a 0,93), 0,34 (0,22 a 0,47) e 0,45 (0,29 a 0,59) para P550, GMD e índice, respectivamente. As médias a posteriori (intervalos de alta densidade 95%) das correlações genéticas foram de 0,74 (0,60 a 0,87) entre P550 e GMD, 0,84 (0,75 a 0,92) entre P550 e índice e 0,97 (0,95 a 0,99) entre GMD e índice. A seleção para aumentar o P550 proporcionou maiores respostas correlacionadas em GMD e IND do que a seleção direta para estas características. Desta forma, o P550 pode ser considerado o melhor critério de seleção em provas de ganho em peso a pasto.

**Palavras-Chave:** herdabilidade, correlação genética, inferência bayesiana, seleção

## Introdução

Para que se promova melhoramento genético dos animais é necessário que sejam selecionados indivíduos de valor genético superior para características economicamente importantes. O grande desafio é identificar os critérios para que se encontrem estes indivíduos dentro de uma população. Provas de ganho em peso são uma alternativa eficaz e de baixo custo, em que os candidatos a reprodutores são comparados e, posteriormente, classificados.

Nestas provas zootécnicas, recomendadas para características de herdabilidade de alta magnitude, como pesos, todos os animais são mantidos em condições de ambiente semelhantes e têm seu desempenho controlado durante o período da prova (Razook et al., 1997). Ao final da prova os dados são ajustados para os efeitos fixos, por meio do método dos quadrados mínimos, e as diferenças entre os animais passam a ser consideradas para classificação e seleção dos indivíduos. Para que se melhore a qualidade destas avaliações, os modelos mistos (Henderson et al., 1959) que consideram efeitos fixos e aleatórios, e incluem a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco, podem ser utilizados na predição dos valores genéticos dos candidatos à seleção.

No contexto dos modelos mistos, a abordagem bayesiana, que utiliza conceitos probabilísticos para descrever incertezas sobre as quantidades, oferece algumas vantagens, como a de considerar todos os parâmetros como variáveis aleatórias, o que reduz o número de estimativas viesadas. Além disso, o uso destes métodos requer menor número de observações, pois há menos dependência do ajuste do modelo em relação ao número de dados utilizados, devido aos conceitos envolvidos neste método (Silva et al., 2005; Silva et al., 2006).

Para que os resultados de provas de ganho em peso identifiquem os melhores candidatos para formar a próxima geração, é necessário identificar qual o critério de seleção a ser utilizado, baseado no ganho genético direto e correlacionado esperado. Desta forma, objetivou-se com o presente estudo foi estimar os parâmetros genéticos e a respostas à seleção para peso padronizado aos 550 dias, ganho médio diário e um índice, que pondera estas características por 0,4 e 0,6, respectivamente, em tourinhos Nelore submetidos a provas de ganho em peso a pasto.

### **Material e Métodos**

Os dados utilizados neste trabalho foram provenientes de 3.796 tourinhos Nelore, mantidos em regime exclusivo de pasto. Os animais participaram de 43 provas de ganho em peso realizadas pelo grupo Provas a Pasto entre 1997 e 2008, em fazendas comerciais no estado de Goiás.

As idades dos animais no início das provas variaram entre 214 e 320 dias. Todos os animais foram pesados e passaram por um período de adaptação de 70 dias. Ao final deste período, houve a pesagem inicial e, na sequência o início da prova, com duração média de 221 dias.

Os pesos ao final da prova foram padronizados para 550 dias de idade (P550) por meio de ajustes lineares que consideraram os ganhos médios diários no período de prova.

As características analisadas foram peso ajustado aos 550 dias (P550), ganho médio diário (GMD) e um índice (IND) obtido ponderando-se os desvios padronizados de P550 e GMD por 0,4 e 0,6, respectivamente (Razook et al., 1997). Os desvios foram calculados por meio da seguinte fórmula:

$$d_{hij} = \frac{\text{observação}_{hij} - \overline{\text{observação}_{hj}}}{\hat{\sigma}_{\text{observação}_{hj}}}$$

em que:  $d_{hij}$  = desvio padronizado da característica  $h$  do animal  $i$  na PGP  $j$ ;  
 $\text{observação}_{hij}$  = valor observado do animal  $i$  para a característica  $h$  na PGP  $j$ ;  
 $\overline{\text{observação}_{hj}}$  = valor médio da característica  $h$  na PGP  $j$ ;  $\hat{\sigma}_{\text{observação}_{hj}}$  = desvio padrão estimado da característica  $h$  na PGP  $j$ .

Análises bicaracterísticas foram realizadas para obtenção dos componentes de (co)variância. Nestas análises o modelo estatístico contemplou como fixos os efeitos de prova de ganho em peso e efeito a idade do animal como covariável aninhada dentro de cada prova, e os efeitos aleatórios genético aditivo direto e resíduo associado a cada observação. Sob a forma matricial o modelo da análise foi representado por:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & \Phi \\ \Phi & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & \Phi \\ \Phi & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

em que:  $y$  = vetor das observações;  $X$  = matriz de incidência associada aos efeitos fixos da característica;  $b$  = vetor de soluções para os efeitos fixos de PGP e covariável idade;  $Z$  = matriz de incidência associada aos efeitos aleatórios;  $a$  = vetor de soluções para os efeitos aleatórios genético aditivo direto do animal; e  $e$  = vetor dos resíduos. Índices “1” e “2” foram atribuídos para diferenciar as características.

As distribuições a posteriori dos componentes de (co)variância foram obtidas utilizando-se Amostrador de Gibbs por meio do programa GIBBS1F90.

A distribuição condicional dos dados observados foi assumida como sendo:

$$y | a, b, R_e \sim N[(X_1 b_1 + X_2 b_2 + Z a_1 + Z a_2), R_e \otimes I_n]$$

em que:  $R_e$  = matriz de (co)variância residual.

O amostrador de Gibbs foi utilizado para gerar amostras aleatórias da distribuição marginal a posteriori por meio de amostras sucessivas das distribuições condicionais dos elementos do modelo. Em cada análise bicaracterística foi gerada uma cadeia com 4.000.000 de amostras, sendo que as primeiras 1.750.000 foram descartadas. Os valores foram salvos com um intervalo amostral de 500 iterações, de forma que os valores de autocorrelação fossem suficientes para considerar as amostras como independentes. Estes valores foram definidos por meio de análises preliminares onde se avaliou a convergência e a distribuição das amostras.

Uma vez com os valores das amostras de (co)variância genética aditiva direta e residual para as características, foram calculadas as respostas diretas e correlacionadas à seleção para cada amostra obtida com o amostrador de Gibbs, de acordo com Pereira (2008), a partir das seguintes fórmulas:

$$RD_i = I \times h_i^2 \times \sigma_{ai}$$

em que:  $RD_i$  = Resposta à seleção direta para a característica  $i$ ;  $I$  = intensidade de seleção aplicada;  $h_i^2$  = herdabilidade da característica  $i$ ; e  $\sigma_{ai}$  = desvio padrão genético aditivo da característica  $i$ .

$$RC_{ij} = I \times h_i \times h_j \times r_{ij} \times \sigma_i$$

em que:  $RC_{ij}$  = resposta na característica  $i$  correlacionada à seleção para a característica  $j$ ;  $h_i$  = raiz quadrada da herdabilidade da característica  $i$ ;  $h_j$  = raiz quadrada da herdabilidade da característica  $j$ ;  $r_{ij}$  = correlação genética aditiva direta entre as características  $i$  e  $j$ .

Para o cálculo das respostas à seleção foi considerada uma proporção de seleção de 10% dos animais, correspondente a intensidade de seleção de 1,76 desvios-padrão. Uma

vez com os valores das respostas, foi calculada a razão entre a resposta correlacionada e a resposta direta por meio da seguinte fórmula:

$$RRC_{ij} = \frac{RC_{ij}}{RD_i} = \frac{h_j}{h_i} r_{ij}$$

em que:  $RRC_{ij}$  = razão entre a resposta correlacionada e a resposta direta em  $i$ .

Para todos os parâmetros e respostas a seleção obtidos foram calculados os valores da região de alta densidade. Esta região é determinada de forma que seu conteúdo ocupe o menor volume possível no espaço paramétrico, contendo 95% dos dados.

### **Resultados e Discussão**

As médias  $\pm$  desvio padrão para P550 (Tabela 3.1) foram próximas aquelas encontradas por Yokoo et al. (2007) de  $347,14 \pm 63,55$  kg e de  $330,91 \pm 55,65$  kg por Koury Filho et al. (2009). Os resultados de GMD também foram próximos àqueles obtidos por Pereira et al. (2009) de  $445 \pm 200$  g/dia. Apesar dos trabalhos citados terem sido realizados com machos e fêmeas, estes valores indicam que as informações do presente estudo podem ser representativas da população de animais machos da raça Nelore no Brasil.

Tabela 3.1 Estatísticas descritivas das características peso aos 550 dias (P550), ganho médio diário (GMD), índice (IND) e idade ao final da prova (Idade) de tourinhos Nelore submetidos a provas de ganho em peso a pasto

Característica	Número	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo	Coefficiente de Variação (%)
P550 (kg)	3.796	326	40,69	187	467	12,48
GMD (g/dia)	3.796	500	150,00	-18	960	30,00
IND	3.796	100	13,10	40	154	13,11
Idade (dias)	3.796	559	30,74	452	666	0,05

As médias a posteriori das estimativas de herdabilidade encontradas foram, em sua maior parte, de alta magnitude (acima de 0,305) (Tabela 3.2) o que indica grande proporção da variância genética aditiva direta em relação à fenotípica. Os valores das médias a posteriori para P550 foram superiores àqueles de 0,34 relatados por Boligon et al. (2009) e inferiores aos de 0,75 encontradas por Gonçalves et al. (2011), obtidos por método frequentista, e superiores à média a posteriori de 0,33 (com intervalos de credibilidade 95% entre 0,30 e 0,35) obtidos por meio de uma metanálise Bayesiana por Gianotti et al. (2006).

Paneto et al. (2002) obtiveram valores de herdabilidade de 0,23 para GMD, em análise frequentista, sendo este valor inferior às medias e medianas estimadas no presente estudo. Por meio de inferência bayesiana, Shiotsuki et al. (2009) estimaram a média a posteriori para GMD em 0,15 (com intervalo de alta densidade de 90% entre 0,13 a 0,17).

As amostras a posteriori das estimativas de herdabilidade para Índice tenderam a se aproximar daquelas estimadas para GMD, de acordo com os de Azêvedo et al. (2005), que sugeriu que a herdabilidade dos índices tende a se aproximar mais dos valores encontrados para a característica de menor herdabilidade.

As diferenças encontradas na literatura entre os valores de herdabilidade podem ser explicadas, além das diferenças existentes entre rebanhos, pelo controle ambiental que existe em uma prova de ganho em peso. Neste tipo de teste de desempenho os animais estão sempre em condições de ambiente controlado, o que torna mais explícita as diferenças genéticas entre os animais, favorecendo a seleção pelo fenótipo.

Tabela 3.2 Valores das distribuições a posteriori das herdabilidades e das correlações do peso aos 550 dias (P550), ganho médio diário (GMD), índice (IND) para tourinhos Nelore submetidos a provas de ganho em peso a pasto

Análise	Parâmetro	Média	Mediana	Desvio Padrão	Intervalo de alta densidade 95%	
					Mínimo	Máximo
P550 x GMD	$h^2_{P550}$	0,74	0,74	0,10	0,55	0,94
	$h^2_{GMD}$	0,34	0,33	0,06	0,22	0,47
	$r_{g_{P550,GMD}}$	0,74	0,75	0,07	0,60	0,87
P550 x Índice	$h^2_{P550}$	0,73	0,73	0,09	0,55	0,93
	$h^2_{Índice}$	0,45	0,44	0,08	0,30	0,59
	$r_{g_{P550,ÍNDICE}}$	0,84	0,84	0,05	0,75	0,92
GMD x Índice	$h^2_{GMD}$	0,37	0,36	0,07	0,24	0,50
	$h^2_{Índice}$	0,50	0,49	0,08	0,35	0,67
	$r_{g_{GMD,ÍNDICE}}$	0,97	0,97	0,01	0,95	0,99

As médias a posteriori das correlações genéticas sugerem que todas as características analisadas possuem altas correlações genéticas entre si (Tabela 3.2). Como o ganho médio

diário é função do peso aos 550 dias, e o índice uma função destes dois parâmetros, estes altos valores são esperados.

As médias a posteriori (intervalo de alta densidade a 95%) dos ganhos genéticos absolutos para os tourinhos selecionados (representando apenas o valor da seleção para machos) para peso ajustado aos 550 dias foi de, aproximadamente 32 kg por geração, (de 20,50 a 48,06 kg) (Tabela 3.3). Esta foi a característica que apresentou maior resposta genética a seleção (intervalo de alta densidade a 95%), com um valor médio de 10,2% (de 6,2 e 14,7%) (Tabela 3.4) de resposta em relação à média da população estudada. O índice com 8,0% (de 3,5% a 12,1%), gerando ganhos absolutos com média de 6,84 unidades (de 3,55 a 10,48) se mostrou com uma resposta intermediária. O critério que apresentou a pior resposta esperada foi GMD com 6,3% (2,8% a 9,8%), com a distribuição da resposta absoluta esperada com média de 27,23 g/dia (de 14,14 g/dia a 44,98 g/dia). Estes eram esperados, em razão da diferença dos valores de herdabilidade.

Tabela 3.3 Valores das distribuições a posteriori dos ganhos genéticos ( $\Delta G$ ) para as características peso aos 550 dias (P550), ganho médio diário (GMD), índice (IND) em análises bicaracterísticas para tourinhos da raça Nelore submetidos a provas de ganho em peso a pasto

Análise	Parâmetro	Média	Mediana	Desvio Padrão	Intervalo de alta densidade 95%	
					Mínimo	Máximo
P550	$\Delta G_{P550}$ (kg)	33,39	32,74	7,03	20,70	48,06
x GMD	$\Delta G_{GMD}$ (g/dia)	27,23	26,81	8,20	14,14	44,98
P550	$\Delta G_{P550}$ (kg)	32,78	27,92	6,74	20,50	46,39
x Índice	$\Delta G_{Índice}$	6,84	5,51	1,83	3,55	10,48
GMD	$\Delta G_{GMD}$ (g/dia)	31,48	30,47	9,09	15,43	49,37
x Índice	$\Delta G_{Índice}$	8,01	7,84	2,07	4,29	12,18

Tabela 3.4 Valores das distribuições a posteriori da proporção dos ganhos genéticos esperados ( $\Delta G$ ) para as características peso aos 550 dias (P550), ganho médio diário (GMD), índice (IND) em análises bicaracterísticas para tourinhos da raça Nelore submetidos a provas de ganho em peso a pasto

Análise	Parâmetro	Média	Mediana	Desvio Padrão	Intervalo de alta densidade 95%	
					Mínimo	Máximo
P550	$\Delta G_{P550}$	10,2%	10,0%	2,1%	6,5%	14,7%
x GMD	$\Delta G_{GMD}$	5,5%	5,4%	1,6%	2,8%	8,9%
P550	$\Delta G_{P550}$	10,0%	9,9%	2,1%	6,2%	14,2%
x Índice	$\Delta G_{Índice}$	6,8%	6,6%	1,8%	3,5%	10,5%
GMD	$\Delta G_{GMD}$	6,3%	6,1%	1,8%	3,1%	9,8%
x Índice	$\Delta G_{Índice}$	8,0%	7,8%	2,1%	4,3%	12,1%

Quando foi calculada a resposta correlacionada esperada, o peso aos 550 dias se mostrou como a característica mais vantajosa para a seleção (Tabela 3.5), uma vez que este valor foi dado em relação ao ganho direto, ao se selecionar apenas para peso, os resultados da resposta correlacionada no índice e no ganho médio diário foram superiores à seleção direta baseada nestes últimos critérios.

Tabela 3.5 Valores das distribuições a posteriori das respostas indiretas à seleção para as características peso aos 550 dias (P550), ganho médio diário (GMD), índice (IND) em análises bicaracterísticas para tourinhos da raça Nelore submetidos a provas de ganho em peso a pasto

Análise	Parâmetro	Média	Mediana	Desvio Padrão	Intervalo de alta densidade 95%	
					Mínimo	Máximo
P550	$\Delta G_{P550}$ (kg)	0,50	0,50	0,06	0,37	0,63
$\times$ GMD	$\Delta G_{GMD}$ (g/dia)	1,11	1,11	0,15	0,82	1,41
P550	$\Delta G_{P550}$ (kg)	0,65	0,65	0,06	0,54	0,77
$\times$ Índice	$\Delta G_{Índice}$	1,08	1,08	0,10	0,89	1,29
GMD	$\Delta G_{GMD}$ (g/dia)	1,13	1,13	0,05	1,05	1,23
$\times$ Índice	$\Delta G_{Índice}$	0,84	0,81	0,03	0,77	0,91

Considerando a herdabilidade do peso com valor de 0,74 e a correlação entre este e o ganho médio diário como 0,74, a herdabilidade do ganho médio diário teria que ser igual a 0,40 para que o ganho direto e correlacionado fossem equivalentes. Em relação ao índice, uma herdabilidade de 0,62 seria o valor para que a respostas direta e correlacionada fossem equivalentes, considerando a correlação entre o peso de 0,84 entre o peso e herdabilidade deste de 0,73.

Liu & Makarechian (1993) recomendaram o uso do ganho em peso ao invés do peso ao final da prova como critério de seleção, porém, no estudo realizado não foram estimados parâmetros genéticos, e as conclusões foram baseadas em modelos que não consideravam a matriz de parentesco, o que diminui a acurácia das estimativas. Machado et al. (1999) constataram que a característica peso aos 550 dias promoveria respostas satisfatórias superiores em pesos em idades inferiores, além de sua maior herdabilidade,

indicando assim a seleção por meio deste parâmetro para promover a melhoria do desenvolvimento ponderal de animais da raça Nelore. Garnerio et al. (2001) indicaram o uso de peso padronizado aos 550 dias para promover respostas correlacionadas em características de crescimento (dias para atingir 160 e 240 kg, no caso).

A seleção exclusivamente para peso, mesmo que padronizado, porém, deve ser realizada com cautela, pois, apesar de seus resultados serem satisfatórios, é possível que se selecione tourinhos mais pesados no momento de entrada na prova, e não necessariamente aqueles que vão ganhar mais peso. Desta forma, análises bicaracterísticas são uma maneira para controlar o ganho de peso, além do peso padronizado, que se mostrou como melhor critério de seleção. Outra forma de se evitar a seleção de tourinhos mais pesados no início da prova é a inclusão do peso de entrada dos animais como covariável na análise para Peso padronizado aos 550 dias.

### **Conclusões**

As médias de herdabilidade encontradas sugerem que qualquer um dos critérios é capaz de responder à seleção. O peso padronizado aos 550 dias se mostrou como o melhor critério de seleção para animais em provas de ganho em peso em função do maior potencial para ganho genético direto e da resposta correlacionada superior à resposta direta à seleção em ganho médio diário e índice.

## Referências

- AZEVEDO, M.M.R.; MARTINS FILHO, R.; LÔBO, R.N.B. et al. Produtividade acumulada (PAC) das matrizes em rebanhos Nelore do norte e nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.54-59, 2005.
- BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; MERCADANTE, M.E.Z. et al. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.2320-2326, 2009.
- BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; MERCADANTE, M.E.Z. et al. Study of relations among age at first calving, average weight gains and weights from weaning to maturity in Nellore cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, p.746-751, 2010
- GARNERO, A.V.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F. et al. Comparação entre alguns critérios de seleção para crescimento na raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.714-718, 2001
- GIANNOTTI, J.G.; PACKER, I.U.; MERCADANTE, M.E.Z. et al. Metanálise bayesiana de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, p.15-22, 2006 .
- GONÇALVES, F.M.; PIRES, A.V.; PEREIRA, I.G. et al. Avaliação genética para peso corporal em um rebanho Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.63, p.158-164, 2011
- HENDERSON, C.R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S.R. et al. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, v.15, p.192-218, 1959.
- KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L.G.; ALENCAR, M.M. et al. Estimativas de herdabilidade e correlações para escores visuais, peso e altura ao sobreano em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.2362-2367, 2009
- LIU, M.F.; MAKARECHIAN, M. Factors influencing growth performance of beef bulls in a test station. **Journal of Animal Science**, v. 71, p.1123-1127, 1993
- MACHADO, P.F.A.; AQUINO, L.H.; GONÇALVES, T.M. Estimativas de parâmetros genéticos e critérios de seleção em características ponderais de bovinos Nelore. **Ciência e Agrotecnia**, v.23, p.197-204, 1999.
- PANETO, J.C.C.; LEMOS, D.C.; BEZERRA, L.A.F. et al. Estudo de características quantitativas de crescimento dos 120 aos 550 dias de idade em gado Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, p.668-674, 2002.
- PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 5ª ed. Belo Horizonte: Fundação de Estudo e Pesquisa em Medicina Veterinária e Zootecnia, 2008. 618p.
- PEREIRA, M.A.; SOUZA, J.C.; MACHADO, C.H.C. Utilização de Características Produtivas Para Seleção de Bovinos Nelore criados em Goiás In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 46., 2009, Maringá. **Anais...** Maringá. Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2009.
- RAZOOK, A.G.; FIGUEIREDO, L.A.; CYRILLO, J.N.S.G. et al. **Prova de ganho de peso: normas adotadas pela Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho**. Nova Odessa: Instituto de Zootecnia, 1997. 42p. (Boletim Técnico, 40).
- SHIOTSUKI, L.S.; SILVA, J.A.V.; ALBUQUERQUE, L.G. Associação genética da prenhez aos 16 meses com o peso à desmama e o ganho de peso em animais da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, p.1211-1217, 2009 .

- SILVA, F.F.; MUNIZ, J.A.; AQUINO, L.H. et al. Abordagem Bayesiana da curva de lactação de cabras Saanen de primeira e segunda ordem de parto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.40. p.27-33, 2005.
- SILVA, N.M.A.; MUNIZ, J.A.; SILVA, F.F. et al. Estudo de parâmetros de crescimento de bezerros Nelore por meio de um modelo de regressão linear: uma abordagem Bayesiana. **Ciência Animal Brasileira**, v.7, p. 57-65, 2006.
- YOKOO, M.J.; ALBUQUERQUE, L.G.; LOBO, R.B. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para altura do posterior, peso e circunferência escrotal em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, p.1761-1768, 2007.

## Capítulo 4 – Considerações Finais

A população estudada apresenta variância genética aditiva grande o suficiente para que sejam melhoradas as características de peso ajustado aos 550 dias de idade, ganho médio diário e índice constituído por 40% pelo desvio do peso ajustado aos 550 dias de idade e por 60% pelo desvio do ganho médio diário.

Devido a maiores valores de acurácia encontrados, a metodologia dos modelos mistos se mostrou mais adequada para que se proceda à seleção de tourinhos Nelore submetidos a provas de ganho em peso a pasto que o método dos quadrados mínimos. Ainda, foi observado um aumento da acurácia a medida que se acrescentava informações de outras provas nas análises, mostrando que um banco de dados com maior número de informações pode resultar em melhoria no processo de identificação dos valores genéticos dos animais.

O melhor critério de seleção para tourinhos Nelore submetidos em provas de ganho em peso a pasto foi o peso padronizado aos 550 dias de idade, pois, além de apresentar o maior ganho genético, promoveu respostas correlacionadas no ganho médio diário e no índice superiores ao ganho genético direto.