

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS**

**Análise genética de características de  
crescimento e de resistência a parasitos em  
bovinos Nelore por meio de regressão  
aleatória**

**Tiago Luciano Passafaro**

Belo Horizonte

2014

**Tiago Luciano Passafaro**

**Análise genética de características de  
crescimento e de resistência a parasitos em  
bovinos Nelore por meio de regressão  
aleatória**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais como requisito parcial para a obtenção do grau de mestre em Zootecnia.

Área de concentração: Genética e Melhoramento Animal

Prof. Orientador: Dr. Fabio Luiz Buranelo Toral

Belo Horizonte

2014

Passafaro, Tiago Luciano, 1986-  
P285a Análise genética de características de crescimento e de resistência a parasitos em bovinos  
Nelore por meio de regressão aleatória / Tiago Luciano Passafaro. – 2014.

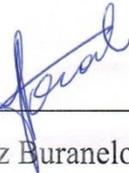
74p. : il.

Orientador: Fábio Luiz Buranelo Toral  
Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Minas Gerais, Escola de Veterinária.  
Inclui bibliografia

1. Nelore (Zebu) – Genética – Teses. 2. Nelore (Bovino) – Crescimento – Teses.  
Bovino – Parasito – Teses. I. Toral, Fábio Luiz Buranelo. II. Universidade Federal de Minas  
Gerais. Escola de Veterinária. III. Título.

CDD – 636.291 082

DISSERTAÇÃO defendida e aprovada em 24/02/2014 pela Comissão  
Examinadora composta pelos seguintes membros:



---

Prof. Fabio Luiz Buranelo Toral (Orientador)



---

Prof. José Aurélio Garcia Bergmann



---

Prof. Leonardo Martín Nieto

*“Todas as coisas têm seu tempo, e todas elas passam sob o céu, segundo o tempo que a cada uma foi prescrito... Há tempo de plantar e tempo de colher o que se plantou.”*

*(Eclesiastes, Capítulo III – 1;2)*

*DEDICATÓRIA*

*Dedico este trabalho aos meus pais  
Leonardo Luiz Passafaro e Maria José Melo  
Passafaro, que me deixaram como herança o  
amor incondicional e os ensinamentos de vida.*

## AGRADECIMENTO

A Deus, por ser o alicerce da minha vida, por proporcionar momentos de alegrias, vitórias e por me dar forças e perseverança para superar os obstáculos da vida.

Aos meus pais, Leonardo Luiz Passafaro e Maria José Melo Passafaro, por sempre estarem presentes na minha vida, pelo exemplo de integridade e trabalho, pelos ensinamentos e por tornar essa caminhada possível.

Aos meus irmãos Leonardo Luiz Passafaro Junior e Juliana Melo Passafaro, por todo carinho, amizade e incentivo.

Aos meus tios, primos, avó, amigos do bairro e colegas da faculdade que me apoiaram durante toda a caminhada.

A Renata Azevedo Barcelos por todo carinho, apoio, compreensão, paciência, amizade e amor.

Ao Prof. Fabio Luiz Buranelo Toral, pelos valiosos ensinamentos, por me tornar uma pessoa mais independente e pelo exemplo de pessoa.

Ao Prof. Martinho de Almeida e Silva, pelo modelo de profissional, exemplo de vida e por mostrar novos caminhos a serem trilhados.

Ao Prof. Idalmo Garcia Pereira, pelos ensinamentos oferecidos e pelo empréstimo do computador para rodar as análises.

Ao Prof. Romário Cerqueira Leite, por partilhar conhecimentos e por ceder o laboratório de parasitologia para a realização dos exames laboratoriais.

Ao Prof. José Aurélio Garcia Bergmann, por instigar o meu desejo de trabalhar com melhoramento animal e pelo exemplo de profissional.

Ao Prof. Leonardo Martín Nieto pela participação na Comissão Examinadora e por contribuir com sugestões valiosas.

A Fazenda Mundo Novo, representada pelo seu proprietário Eduardo Penteadó Cardoso e seus funcionários, por permitirem a coleta do banco de dados, tornando possível a realização do trabalho, bem como pelo conhecimento adquirido e pelas amizades realizadas.

Aos colegas de Pós-Graduação Breno Fragomeni, Juan Pablo Carrera, Fernanda Santos, Livia Loiola, Dalinne Chystian, Juan Salvador, Rodrigo Godinho, Fabiana Ferreira, Flaviana Miranda, Arthur Fernandes, Natália Lima, Ana Paula Liboreiro, Daiane Becker,

Sirlene Lázaro; pela ajuda fornecida, pelos momentos de descontração, pelo companheirismo e pela amizade verdadeira.

Aos colegas de Iniciação Científica, Pedro Sabback, Thiago Campos e Mariana Mamedes, por ajudar nos procedimentos laboratoriais, pelos momentos de alegria e por serem as novas “mentes ávidas do amanhã”.

A CAPES/REUNI pela bolsa concedida.

Enfim, a todos que mesmo não citados, contribuíram de forma direta ou indireta nessa importante etapa da minha vida! Que Deus abençoe a vida de cada um, e realize todos os seus sonhos.

## SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO GERAL .....	17
1.1. Objetivos.....	19
2. ANÁLISE GENÉTICA DO PESO DE BOVINOS NELORE POR MEIO DE REGRESSÃO ALEATÓRIA .....	20
2.1. Resumo .....	20
2.2. Introdução.....	21
2.3. Material e Métodos .....	22
2.4. Resultados e Discussão.....	26
2.5. Conclusão .....	39
3. PARÂMETROS GENÉTICOS PARA RESISTÊNCIA A CARRAPATOS, NEMATOIDES GASTROINTESTINAIS E <i>EIMERIA</i> SPP. EM BOVINOS NELORE POR MEIO DE REGRESSÃO ALEATÓRIA .....	40
3.1. Resumo .....	40
3.2. Introdução.....	41
3.3. Material e Métodos .....	41
3.4. Resultados e Discussão.....	46
3.5. Conclusão .....	65
4. CONSIDERAÇÕES FINAIS .....	66
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	68

## LISTA DE TABELAS

Tabela 2.1. Número de coeficientes de regressão dos polinômios de Legendre para a trajetória média de crescimento ( $k_b$ ), aditivo direto ( $k_a$ ) e materno ( $k_m$ ), de ambiente permanente individual ( $k_p$ ) e materno ( $k_c$ ), número de classes de variância residual ( $r$ ), número de parâmetros do modelo ( $p$ ), variância residual total (VRT), Deviance Information Criterion (DIC) e Bayesian Information Criterion (BIC), para os modelos de regressão aleatória utilizados na análise do peso de bovinos Nelore. ....	28
Tabela 2.2. Médias <i>a posteriori</i> da variância (diagonal), covariância (abaixo da diagonal), e correlações (acima da diagonal) dos coeficientes de regressão e os autovalores ( $\lambda$ ) das matrizes de covariâncias do modelo $LEG_{456668}$ . ....	30
Tabela 2.3. Médias <i>a posteriori</i> e intervalos de alta densidade (95%) das correlações genéticas aditivas diretas (diagonal superior) e materna (diagonal inferior) (a), de ambiente permanente direto (diagonal superior) e materna (diagonal inferior) (b), e fenotípica (diagonal superior) (c) para o peso aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias em bovinos Nelore, obtidas pelo modelo $LEG_{456668}$ . ....	36
Tabela 3.1. Número de coeficientes de regressão dos polinômios de Legendre para a trajetória média ( $k_b$ ), efeito genético aditivo direto ( $k_a$ ), de ambiente permanente ( $k_p$ ), número de parâmetros do modelo ( $p$ ), e Bayesian Information Criterion (BIC) para os modelos de regressão aleatória utilizados nas análises para a resistência a carrapatos ( $BIC_{CAR}$ ), nematoides gastrointestinais ( $BIC_{OPG}$ ) e <i>Eimeria</i> spp. ( $BIC_{OOPG}$ ) em bovinos Nelore. ....	49
Tabela 3.2. Médias <i>a posteriori</i> das variâncias (diagonal), covariâncias (abaixo da diagonal), e correlações (acima da diagonal) entre os coeficientes de regressão e os autovalores ( $\lambda$ ) das matrizes de covariâncias dos modelos $CAR_{2221}$ , $OPG_{2221}$ e $OOPG_{4221}$ , para os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente direto. ....	50
Tabela 3.3. Médias <i>a posteriori</i> e intervalo de alta densidade (95%) das correlações genéticas (acima da diagonal) e de ambiente (abaixo da diagonal) de resistência a carrapatos em bovinos Nelore entre as idades 205, 365, 450 e 550, obtidas por meio dos modelos $CAR_{2221}$ , $CAR_{2221} \times OPG_{2221}$ e $CAR_{2221} \times OOPG_{4221}$ . ....	59

Tabela 3.4. Médias *a posteriori* e intervalo de alta densidade (95%) das correlações genéticas (acima da diagonal) e ambientais (abaixo da diagonal) de resistência a nematoides gastrointestinais em bovinos Nelore entre as idades 205, 365, 450 e 550, obtidas por meio dos modelos  $OPG_{2221}$ ,  $CAR_{2221} \times OPG_{2221}$  e  $OPG_{2221} \times OOPG_{4221}$ . .....60

Tabela 3.5. Médias *a posteriori* e intervalo de alta densidade (95%) das correlações genéticas (acima da diagonal) e ambientais (abaixo da diagonal) de resistência a *Eimeria* spp. em bovinos Nelore entre as idades 205, 365, 450 e 550, obtidas por meio dos modelos  $OOPG_{4221}$ ,  $CAR_{2221} \times OOPG_{4221}$  e  $OPG_{2221} \times OOPG_{4221}$ . .....61

## LISTA DE FIGURAS

- Figura 2.1. Número de observações (barras cinzas) e média (pontos pretos) (esquerda), e desvios-padrão (DP, pontos pretos) e o coeficiente de variação (CV, barras cinzas) (direita) do peso de bovinos Nelore, em função da idade .....27
- Figura 2.2. Médias *a posteriori* e intervalo de alta densidade (95%) da variância genética aditiva direta ( $\sigma_a^2$ ) e materna ( $\sigma_m^2$ ), de ambiente permanente direto ( $\sigma_p^2$ ) e materno ( $\sigma_c^2$ ), residual ( $\sigma_e^2$ ) e fenotípica ( $\sigma_f^2$ ) para peso de bovinos Nelore, obtidas pelo modelo  $LEG_{456668}$  .....32
- Figura 2.3. Médias *a posteriori* e intervalo de alta densidade (95%) para herdabilidade direta ( $h^2$ ) e materna ( $m^2$ ), e as variâncias de ambiente permanente direto ( $p^2$ ) e materno ( $c^2$ ) expressas como proporção da variância fenotípica, para peso de bovino de Nelore obtidas pelo modelo  $LEG_{456668}$  .....34
- Figura 2.4. Autofunções associadas aos três maiores autovalores da matriz de (co)variância do efeito genético aditivo direto para peso de bovinos Nelore, obtidos na análise com o modelo  $LEG_{456668}$  .....37
- Figura 2.5. Superfície de resposta dos valores genéticos para peso de bovinos Nelore, em função da idade e do ano de nascimento. ....38
- Figura 3.1. Número de observações (linhas e pontos negros) e porcentagem de animais resistentes (barras cinzas) para as características de resistência a carrapatos, nematoides gastrointestinais (OPG) e *Eimeria* spp. (OOPG). ....47
- Figura 3.2. Gráficos de Box-Plot para as sete classes de idade das contagens de carrapatos, ovos por gramas de fezes e oocistos por gramas de fezes em uma população de bovinos Nelore. ....48
- Figura 3.3. Médias *a posteriori* e intervalos de alta densidade (95%) das variâncias dos efeitos genético aditivo direto ( $\sigma_a^2$ ), de ambiente permanente direto ( $\sigma_p^2$ ) e fenotípica ( $\sigma_f^2$ ), da resistência aos carrapatos em bovinos Nelore obtidas por meio dos modelos  $CAR_{2221}$ ,  $CAR_{2221} \times OPG_{2221}$  e  $CAR_{2221} \times OOPG_{4221}$ . ....52

Figura 3.4. Médias <i>a posteriori</i> e intervalos de alta densidade (95%) das variâncias dos efeitos genético aditivo direto ( $\sigma_a^2$ ), de ambiente permanente direto ( $\sigma_p^2$ ) e fenotípica ( $\sigma_f^2$ ) para a resistência a nematoides gastrointestinais em bovinos Nelore obtidas por meio dos modelos $OPG_{2221}$ , $CAR_{2221} \times OPG_{2221}$ e $OPG_{2221} \times OOPG_{4221}$ .	53
Figura 3.5. Médias <i>a posteriori</i> e intervalos de alta densidade (95%) de variâncias dos efeitos genético aditivo direto ( $\sigma_a^2$ ), de ambiente permanente direto ( $\sigma_p^2$ ) e fenotípica ( $\sigma_f^2$ ) para a resistência a <i>Eimeria</i> spp. em bovinos Nelore obtidas por meio dos modelos $OOPG_{4221}$ , $CAR_{2221} \times OOPG_{4221}$ e $OPG_{2221} \times OOPG_{4221}$ .	54
Figura 3.6. Médias <i>a posteriori</i> e intervalos de alta densidade (95%) de herdabilidade ( $h^2$ ), da variância de ambiente permanente medida como proporção da variância fenotípica ( $p^2$ ) e da resposta à seleção, para resistência a carrapatos em bovinos Nelore obtidas por meio dos modelos $CAR_{2221}$ , $CAR_{2221} \times OPG_{2221}$ e $CAR_{2221} \times OOPG_{4221}$ .	55
Figura 3.7. Médias <i>a posteriori</i> e intervalos de alta densidade (95%) de herdabilidade ( $h^2$ ), da variância de ambiente permanente medida como proporção da variância fenotípica ( $p^2$ ) e da resposta à seleção, para resistência a nematoides gastrointestinais em bovinos Nelore obtidas por meio dos modelos $OPG_{2221}$ , $CAR_{2221} \times OPG_{2221}$ e $OPG_{2221} \times OOPG_{4221}$ .	56
Figura 3.8. Médias <i>a posteriori</i> e intervalos de alta densidade (95%) de herdabilidade ( $h^2$ ), da variância de ambiente permanente medida como proporção da variância fenotípica ( $p^2$ ) e da resposta à seleção, para resistência a <i>Eimeria</i> spp. em bovinos Nelore obtidas por meio dos modelos $OOPG_{4221}$ , $CAR_{2221} \times OOPG_{4221}$ e $OPG_{2221} \times OOPG_{4221}$ .	57
Figura 3.9. Médias <i>a posteriori</i> e o intervalo de alta densidade (95%) das correlações genéticas ( $r_a$ ) e ambientais ( $r_e$ ), entre as características de resistência a carrapatos, nematoides gastrointestinais e <i>Eimeria</i> spp. em bovinos Nelore obtidas por meio dos modelos $CAR_{2221} \times OPG_{2221}$ , $CAR_{2221} \times OOPG_{4221}$ e $OPG_{2221} \times OOPG_{4221}$ .	62
Figura 3.10. Autofunções associadas aos dois autovalores da matriz de (co)variância do efeito genético aditivo direto obtidos em análises para a resistência a carrapatos ( $CAR_{2221}$ ), nematoides gastrointestinais ( $OPG_{2221}$ ) e <i>Eimeria</i> spp. ( $OOPG_{4221}$ ) em bovinos Nelore.	65

## RESUMO

Objetivou-se identificar modelos de regressão aleatória adequados para análises genéticas do peso e resistência a carrapatos, nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp. em bovinos Nelore, utilizando-se polinômios de Legendre e inferência bayesiana. Foram utilizados 63.880, 4.270, 3.872 e 3.872 dados de peso, contagens de carrapatos, nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp. de 12.260, 1.188, 1.142 e 1.142 bovinos, respectivamente, com idades entre 146 e 597 dias. A matriz de parentesco foi composta por 15.927 animais. Os modelos consideraram os efeitos fixos de grupo de contemporâneos e a trajetória média para todas as características, e a idade da vaca ao parto (linear e quadrático) e idade do bezerro no dia da coleta (linear) para peso. Os efeitos genético aditivo direto, de ambiente permanente direto e o resíduo foram incluídos nos modelos de todas as características. Na análise do peso também foram incluídos os efeitos genético aditivo materno e de ambiente permanente materno. A variância residual do peso foi modelada com classes de idade, e os modelos foram avaliados com uma, quatro e oito classes. O modelo de melhor ajuste para peso considerou polinômios de Legendre cúbico para a trajetória média de crescimento, quártico para ajuste do efeito aditivo direto, e quártico para os demais efeitos, bem como oito classes de idade para variância residual. Para as características de resistência, os modelos com melhores ajustes consideraram polinômios lineares para a trajetória média e para os efeitos aleatórios, exceto para a trajetória média da resistência a *Eimeria* spp., ajustada por um polinômio cúbico. As médias *a posteriori* da herdabilidade direta foram de baixa a alta magnitude e variaram entre 0,18 a 0,58; 0,07 a 0,30; 0,02 a 0,34 e 0,04 a 0,39, para peso, resistência a carrapatos, nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp., respectivamente. As médias *a posteriori* das correlações de todos os efeitos aleatórios do peso nas idades 205, 365 e 550 dias foram positivas e de baixa a alta magnitude. As médias *a posteriori* das correlações genéticas e ambientais para resistência aos parasitos entre as idades 205, 365, 450 e 550 dias foram favoráveis nas idades próximas e desfavoráveis nas idades mais distantes. Em geral, as médias *a posteriori* das correlações genéticas e ambientais entre as características de resistência aos diferentes parasitos foram baixas e o intervalo de alta densidade com 95% (HPD95%) das amostras foram amplos, e incluíram o zero na maioria dos casos. Exceto para a correlação genética entre resistência aos nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp. que foi alta e o HPD95% não incluiu o zero. Existe variabilidade genética aditiva suficiente para todas as

características avaliadas, e progressos genéticos podem ser obtidos ao longo das gerações por meio da seleção.

**Palavras-chaves:** bovino de corte, parâmetro genético, regressão aleatória, resistência

## ABSTRACT

**Genetic evaluation for growth and resistance to parasites in Nellore cattle through random regression.** This work aimed to identify random regression models for genetic evaluation of weight and resistance to tick, gastrointestinal nematodes and *Eimeria* spp. in Nellore cattle, using Legendre polynomials and bayesian inference. The databases contained 63,880, 4,270, 3,872 and 3,872 records of body weight and resistance to tick, gastrointestinal nematodes and *Eimeria* spp. of 12,260, 1,188, 1,142 and 1,142 Nellore calves, respectively, from 146 to 597 days of age. The relationship matrix contained 15,927 animals. The models included the fixed effects of contemporary groups and the population mean trend for each trait, and age of dam at calving (linear and quadratic) and age of calf on weighing (linear) for body weight. The direct genetic additive, permanent environmental and residual effects were included in each model for all traits. In body weight analyses the maternal genetic additive and maternal permanent environment effects were also included. The residual variance for body weight was fitted into classes of age, and the models with one, four and eight classes were assessed. The best-fitting model for weight considered third order polynomial to fit the population mean trend, fourth order polynomial for direct additive, and fifth order polynomials for the remaining random effects, and eight classes of age for residual variance. For resistance traits, the best-fitting models considered linear polynomial for population mean trend and all random effects, except for the population mean trend of resistance to *Eimeria* spp., which was fitted by a third order polynomial. The posterior mean of direct heritability were low to high and ranged from 0.18 to 0.58, 0.07 to 0.38, 0.02 to 0.34 and from 0.04 to 0.39, for body weight, resistance to tick, gastrointestinal nematodes and *Eimeria* spp., respectively. The posterior mean of correlations for each random effect for body weight were positive with low to high magnitude between the pair of ages 205, 365 and 550 days. The posterior mean of genetic and environmental correlations between the pair of ages 205, 365, 450 and 550 days for the same resistance trait were favorable for closed ages and unfavorable for distant ages. In general, the posterior mean of genetic and environmental correlations between resistance traits were low and the high density intervals with 95% (HDI95%) of samples were large and included the zero in many cases. Exception for the genetic correlation between resistance to nematodes and *Eimeria* spp. which were high and the HDI95% did not

contain zero. There was enough additive genetic variability for all traits and genetic progress can be achieved over generations through selection.

**Key words:** beef cattle, genetic evaluation, genetic parameter, random regression, resistance

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

A bovinocultura de corte é uma das principais atividades econômicas do agronegócio brasileiro. De acordo com a Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne (ABIEC, 2013), no ano de 2013, o Brasil possuía o maior rebanho comercial de bovinos do mundo com cerca de 208 milhões de animais e produziu, aproximadamente, 10,2 milhões de toneladas equivalente de carcaça, sendo que 81,4% desta produção foi destinada ao mercado interno e 19,6 para o mercado externo. Dentro do Produto Interno Bruto (PIB) agropecuário, a pecuária representa cerca de 43%, o que demonstra sua importância econômica e social para o país (Martinez et al., 2004).

No Brasil, a produção de carne é baseada em sistemas de criação a pasto com o predomínio de animais de origem zebuína (*Bos indicus*). Estima-se que 80% do rebanho nacional seja constituído por este tipo de gado, sendo que aproximadamente 70% destes são da raça Nelore. A representatividade da raça é justificada pela sua adaptabilidade ao ambiente tropical, onde apresenta alta fertilidade, resistência a endoparasitas e ectoparasitas, longevidade e eficiência em conversão de gramíneas de baixa qualidade em proteína animal (Faria et al., 2007).

Apesar da bovinocultura de corte ter grande destaque na economia nacional, a atividade ainda apresenta potencial de crescimento, principalmente no que diz respeito a melhoria dos índices zootécnicos, econômicos e de qualidade da carne. Neste sentido, fica evidente a necessidade de utilizar novas tecnologias, métodos e práticas de manejo sanitário, nutricional, de ambiência e desenvolvimento de material genético nacional que permitam aumentar a produtividade e melhorar a qualidade da carne produzida no país.

Uma alternativa viável para promover incrementos na cadeia produtiva da carne é a condução de programas de melhoramento animal adequados a realidade do país. Apesar dos programas de melhoramento animal de bovinos de corte no Brasil serem eficientes e promoverem ganhos genéticos ao longo dos anos, eles raramente enfatizam o estudo de possíveis critérios de seleção relacionados com a resistência aos principais parasitos. Dentre esses parasitas encontram-se o carrapato *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*, os nematoides gastrointestinais e os protozoários do gênero *Eimeria*.

A despeito da inserção de características de resistência como critérios de seleção em programas de melhoramento animal de bovinos de corte no Brasil, o predomínio de sistemas

de produção a pasto, onde os ambientes disponíveis favorecem a infestação por ectoparasitas e endoparasitas, justificam o desenvolvimento de métodos complementares para o controle de parasitoses. Além disso, a seleção de animais resistentes a parasitos pode implicar na redução de custos com a compra de medicamentos, na diminuição das perdas produtivas e reprodutivas, na redução da presença de resíduos de medicamento na carne, na redução da resistência dos parasitas aos produtos veterinários e no auxílio da conservação do meio ambiente por diminuição da deposição de dejetos químicos na natureza.

Estimou-se que um carrapato *Rhipicephalus (Boophilus) microplus* foi responsável por perdas produtivas em bovinos Zebu x Europeu de 0,24 Kg de peso vivo ao ano (Sutherst et al., 1983). No total, este parasito pode causar perdas econômicas em torno de dois bilhões de dólares ao ano no Brasil (Grisi et al., 2002). Os nematoides gastrointestinais reduziram o ganho de peso diário em 0,13 Kg/dia em bezerros não tratados com anti-helmínticos quando comparados com bezerros tratados (Stromberg et al., 1997), e perdas econômicas de aproximadamente dois bilhões de dólares na cadeia produtiva da carne nos Estados Unidos (Sonstergard & Gasberre, 2001). Os protozoários do gênero *Eimeria* podem causar redução de peso em bezerros criados a pasto em até 0,18 Kg/dia (Lassen & Ostegaard, 2012), e perdas econômicas maiores do que quatrocentos milhões de dólares na África do Sul (Matjila & Penzhorn, 2002).

Neste contexto, torna-se evidente a importância de estudar a viabilidade de inclusão das características de resistência a parasitos como critérios de seleção nos programas de melhoramento animal, associadas às outras características de interesse econômico. No Brasil, algumas iniciativas já foram tomadas, como a seleção genômica para resistência a carrapatos aplicada em bovinos da raça Bradford e Hereford (Cardoso et al., 2012), e em avaliações genéticas tradicionais para a resistência a carrapatos, nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp. em bovinos Nelore (Carrera, 2013).

As características de resistência e de crescimento são consideradas como dados longitudinais e podem ser medidas repetidamente ao longo da vida do animal. O procedimento padrão para avaliação desse tipo de dado é a análise com modelos de regressão aleatória (Meyer, 2005), que permitem obter estruturas de variância-covariância genéticas e fenotípicas, herdabilidade para todas as idades, correlações genéticas e ambientais para todos os pares de idade do intervalo, e aumentar a acurácia de predição (Meyer, 2004).

A qualidade da avaliação genética dessas características é fundamental para permitir a obtenção de estimativas mais adequadas dos parâmetros genéticos, identificar animais

geneticamente superiores e promover lucros econômicos nas cadeias produtivas. A comparação entre modelos estatísticos é fundamental para a escolha dos modelos mais adequados, capazes de maximizar os fatores citados e promover ganhos genéticos nas características incluídas nos objetivos de seleção.

## **1.1 Objetivos**

Os objetivos foram estudar a variabilidade genética de bovinos Nelore para peso e resistência a carrapatos, nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp., de modo que essas características possam ser consideradas como critérios de seleção e que a seleção seja um método complementar em programas de controle às parasitoses, bem como obter parâmetros genéticos para peso e características de resistência a parasitos e também avaliar os progressos genéticos obtidos por meio da resposta direta a seleção e da superfície de resposta dos valores genéticos em função da idade e do ano de nascimento.

## 2. ANÁLISE GENÉTICA DO PESO DE BOVINOS NELORE POR MEIO DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

### 2.1. Resumo

Objetivou-se obter (co)variâncias e a superfície de resposta dos valores genéticos para peso em bovinos Nelore utilizando-se modelos de regressão aleatória sobre polinômios de Legendre, em análises bayesianas. Foram utilizadas 63.880 medidas de pesos de 12.260 bovinos criados a pasto. Os modelos contemplaram os efeitos fixos de grupos de contemporâneos, idade da vaca ao parto (linear e quadrático), idade do bezerro no dia da pesagem (linear) e a trajetória média de crescimento. Os efeitos genéticos aditivos direto e materno, de ambiente permanente direto e materno, e residual foram considerados como aleatórios. A trajetória média e os efeitos aleatórios foram modelados com polinômios de Legendre de ordens que variaram de linear ao quinto grau. A variância residual foi ajustada com uma, quatro ou oito classes de idades. Para análise dos parâmetros de interesse a trajetória média foi ajustada com um polinômio cúbico, as (co)variâncias do efeito genético aditivo direto foram ajustadas com um polinômio de quarto grau, as (co)variâncias do efeito genético aditivo materno e dos efeitos de ambiente permanente direto e materno foram ajustadas com polinômios de quinto grau e a heterogeneidade de variância residual foi modelada com oito classes. As médias *a posteriori* da herdabilidade foram de média a alta magnitude, e variaram entre 0,18 e 0,58. As médias *a posteriori* da variância do efeito de ambiente permanente direto, expressa como proporção da variância fenotípica, foram moderadas a altas. Em geral, os efeitos maternos reduziram após a desmama. As médias *a posteriori* das correlações de todos os efeitos aleatórios do modelo entre os pares de idades aos 205, 365 e 550 dias foram positivas, variando de baixa a alta magnitude. A superfície de resposta dos valores genéticos apresentou tendência de crescimento com o aumento da idade e do ano de nascimento. Maiores ganhos genéticos para peso podem ser obtidos pela seleção ao final do intervalo de idades, quando as variâncias e herdabilidade são mais altas. A estrutura do banco de dados respalda a inclusão dos efeitos maternos nas análises. Os critérios de seleção utilizados no rebanho estudado permitem obter mudanças genéticas para peso de bovinos Nelore em todas as idades avaliadas.

**Palavras chaves:** inferência bayesiana, parâmetro genético, superfície de resposta

## 2.2. Introdução

A utilização de modelos de regressão aleatória (MRA) tornou-se o procedimento padrão para análise genética de dados longitudinais (Meyer, 2005), como as medidas de peso obtidas em diferentes idades em bovinos de corte. Nas análises com MRA é possível utilizar todos os dados disponíveis, descrever as mudanças nas covariâncias dos efeitos aleatórios, e estimar parâmetros genéticos para todas as idades avaliadas.

Na bovinocultura de corte, os MRA são aplicados principalmente para descrever trajetórias de crescimento, e faz-se necessário o conhecimento dos componentes de variância. Tradicionalmente, o método da máxima verossimilhança restrita (REML) (Thompson, 1973) é utilizado para estimar os componentes de variância. Alternativamente, esses componentes podem ser obtidos por procedimentos bayesianos, que podem ser implementados com maior facilidade, requerem menor esforço computacional por amostra e comportam melhor conjuntos de dados com grande número de observações e características (Nobre et al., 2003a). Contudo, Jamrozik (2004) descreveu alguns problemas de análises bayesianas, como a dificuldade de convergência das cadeias de Markov, maior erro associado às estimativas da cadeia de Markov e o longo tempo de execução das análises quando o tamanho da cadeia é grande.

Os valores genéticos obtidos em análises com modelos de regressão aleatória estão associados a maiores acurácias em relação aqueles obtidos com modelos de repetibilidade e multicaracterístico (Meyer, 2004; Boligon et al., 2011). Este fato favorece a identificação e seleção de animais geneticamente superiores, com implicações favoráveis sobre a resposta à seleção. O conhecimento das mudanças genéticas obtidas nas características de interesse é essencial para avaliação e planejamento das atividades de programas de melhoramento genético. Essas mudanças podem ser obtidas pelo estudo da superfície de resposta dos valores genéticos.

Dessa forma, os objetivos neste trabalho foram identificar o modelo de regressão aleatória mais adequado para análise do peso de bovinos Nelore entre 146 e 597 dias de idade, e avaliar a superfície de resposta dos valores genéticos em todas as idades, utilizando procedimentos bayesianos.

### 2.3. Material e Métodos

Foram utilizados dados de peso de bovinos da raça Nelore, nascidos entre 1995 e 2012, na Fazenda Mundo Novo. Inicialmente o rebanho foi criado em uma fazenda em Brotas, São Paulo, onde permaneceu até o ano 2000. Em 2001 todos os animais foram transferidos para uma fazenda em Uberaba, Minas Gerais. As condições edafoclimáticas das propriedades são condizentes com regiões de cerrado, sendo que a região de Brotas apresenta menores temperaturas médias anuais. Os animais foram criados a pasto com suplementação mineral à vontade durante todo o ano. A formação dos lotes de fêmeas para reprodução aconteceu em períodos diferentes, mas o tempo máximo de exposição de cada lote aos machos foi de 90 dias. Os nascimentos foram concentrados nos meses de julho a dezembro.

Na edição do banco de dados foram consideradas apenas observações de pesos no intervalo de 146 a 597 dias. Foram descartados registros de animais com menos de duas medidas e observações que apresentam valores superiores ou inferiores a três unidades de desvios padrão de diferença em relação à média de cada idade. Os grupos de contemporâneos (ano e mês de nascimento, sexo e lote de manejo) com menos de quatro mensurações de peso e três animais não foram considerados. Após as restrições, formou-se um conjunto de dados com 63.880 medidas de peso, provenientes de 12.260 animais, filhos de 3.849 vacas e 265 touros. Do total de animais, 28,07%; 24,48%; 33,73%; 13,25% e 0,47 % apresentaram entre duas a três, quatro a cinco, seis a sete, oito a nove e dez a onze observações de peso, respectivamente. Entre os reprodutores, 55% das vacas e 40% dos touros tiveram seus registros de peso na base de dados. A matriz de parentesco foi composta por 15.927 animais.

O peso foi analisado por meio de modelos de regressão aleatória. Os modelos contemplaram os efeitos fixos de grupos de contemporâneos, idade do bezerro no dia da pesagem (efeito linear) e idade da vaca no dia do parto (efeitos linear e quadrático), e como efeitos aleatórios, os efeitos genéticos aditivos direto e materno, de ambiente permanente direto e materno e o resíduo. A trajetória média de crescimento da população e os efeitos aleatórios foram modelados por meio de polinômios ortogonais de Legendre sobre a idade do animal à pesagem, com ordens variando de linear ao quinto grau.

O modelo geral pode ser definido como:

$$y_{ijklm} = gc_i + b_1(id_j - \bar{id}) + b_2(iv_k - \bar{id}) + b_3(iv_k - \bar{id})^2 + \sum_{l_1=0}^{k_1-1} f_{l_1} \phi_{l_1}(id_j^*) + \sum_{l_2=0}^{k_2-1} a_{ml_2} \phi_{l_2}(id_{ij}^*) + \sum_{l_3=0}^{k_3-1} m_{nl_3} \phi_{l_3}(id_j^*) + \sum_{l_4=0}^{k_4-1} p_{ml_4} \phi_{l_4}(id_j^*) + \sum_{l_5=0}^{k_5-1} c_{nl_5} \phi_{l_5}(id_j^*) + e_{ijklm}$$

em que:  $y_{ijklmn}$  = peso do animal  $m$  na idade  $j$ , filho da vaca  $n$  e criado no grupo de contemporâneos  $i$ ;  $gc_i$  = efeito do grupo de contemporâneos  $i$ ;  $b_1$  = coeficiente linear que ajusta o efeito da idade  $j$  sobre o peso do bezerro;  $id_j$  = idade do bezerro no dia da pesagem;  $\bar{id}$  = média de idades dos bezerros à pesagem;  $b_2$  e  $b_3$  = coeficientes de regressão linear e quadrático que ajustam o efeito da idade da vaca ao parto  $k$  sobre o peso do bezerro;  $iv_k$  = idade da vaca ao parto;  $\bar{iv}$  = média da idade da vaca ao parto;  $id_j^*$  = idade  $j$  padronizada no intervalo de -1 a 1;  $f_{l_1}$  = coeficientes da regressão fixa considerados para descrever a trajetória média de crescimento;  $\phi_l(id_j^*)$  = polinômios ortogonais de Legendre  $l$  para as idades padronizadas;  $a_{ml_2}$ ,  $m_{nl_3}$ ,  $p_{ml_4}$  e  $c_{nl_5}$  = coeficientes da regressão aleatória para os efeitos genético aditivo direto do animal  $m$  e materno da vaca  $n$ , de ambiente permanente individual do indivíduo  $m$  e materno da vaca  $n$ , respectivamente;  $k_b$ ,  $k_a$ ,  $k_m$ ,  $k_p$  e  $k_c$  = ordem dos polinômios de Legendre utilizados para modelar a trajetória média de crescimento, e os efeitos aleatórios genético aditivo direto e materno, de ambiente permanente direto e materno, respectivamente, variando do linear ( $k = 2$ ) ao quártico ( $k = 6$ );  $e_{ijklmn}$  = resíduo associado a cada observação.

Em notação matricial o mesmo modelo pode ser escrito da seguinte forma:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3p + Z_4c + e,$$

em que:  $y$  = vetor com as observações de peso;  $X$  = matriz de incidência dos efeitos fixos;  $b$  = o vetor com a solução dos efeitos fixos;  $Z_1$ ,  $Z_2$ ,  $Z_3$  e  $Z_4$  = matrizes de incidência dos efeitos aleatórios genético aditivo direto e materno, de ambiente permanente direto e materno, respectivamente;  $a$ ,  $m$ ,  $p$  e  $c$  = vetores com as soluções dos efeitos aleatórios genético aditivo direto e materno, de ambiente permanente direto e materno, respectivamente;  $e$  = vetor dos resíduos associados a cada observação. A variância residual foi modelada por meio de classes de variância, agrupando-se as idades da seguinte forma: uma classe (variância residual homogênea), quatro classes (146-258; 259-371; 372-484; 485-597), e oito classes (146-201; 202-257; 258-313; 314-369; 370-425, 426-481; 482-537; 538-597). Assumiu-se que:

$$y | b, a, m, p, c, \sigma_{e_1}^2 \dots \sigma_{e_x}^2 \sim NMV(Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3p + Z_4c + R); R = \text{diag}\{\sigma_{e_x}^2\},$$

em que:  $x$  representa a classe de variância residual.

As distribuições *a priori* para modelos de regressão aleatória foram definidas de acordo com Jamrozik & Schaeffer (1997) e Rekaya et al. (1999). Para os efeitos fixos do modelo foram assumidas distribuições *a priori* uniformes. Para os outros parâmetros foram definidas as seguintes distribuições *a priori*:

$a | K_a \sim NMV(0, G = K_a \otimes A)$ , e  $m | K_m \sim NMV(0, M = K_m \otimes A)$ , em que  $K_a$  e  $K_m$  são as matrizes que contém as covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios para os efeitos genético aditivo direto e materno, respectivamente, e  $A$  é a matriz com os coeficientes de parentesco de Wright;

$p | K_p \sim NMV(0, P = K_p \otimes I_p)$ , em que  $K_p$  é a matriz que contém as covariâncias entre os coeficientes de regressão do efeito de ambiente permanente direto e  $I_p$  é uma matriz identidade de ordem  $p$  ( $p$  = número de animais com dados);

$c | K_c \sim NMV(0, C = K_c \otimes I_c)$ , em que  $K_c$  é a matriz que contém as covariâncias entre os coeficientes de regressão do efeito de ambiente permanente materno e  $I_c$  é uma matriz identidade de ordem  $c$  ( $c$  = número de vacas com filhos); e

$K_a | v_a, S_a^2 \sim W^{-1}(v_a, v_a S_a^2)$  ,  $K_m | v_m, S_m^2 \sim W^{-1}(v_m, v_m S_m^2)$  ,  $K_p | v_p, S_p^2 \sim W^{-1}(v_p, v_p S_p^2)$  ,  $K_c | v_c, S_c^2 \sim W^{-1}(v_c, v_c S_c^2)$  e  $K_e | v_e, S_e^2 \sim W^{-1}(v_e, v_e S_e^2)$ , em que  $v_a$ ,  $S_a^2$ ,  $v_m$ ,  $S_m^2$ ,  $v_p$ ,  $S_p^2$ ,  $v_c$ ,  $S_c^2$ ,  $v_e$ ,  $S_e^2$ , representam os graus de confiança e os valores *a priori* para as covariâncias dos coeficientes de regressão dos efeitos genético aditivo direto e materno, de ambiente permanente direto e materno, e o resíduo, respectivamente.

Os termos  $NMV$  e  $W^{-1}$  correspondem às distribuições normal multivariada e Wishart invertida. Detalhes sobre as distribuições condicionais completas podem ser obtidas em Rekaya et al. (1999).

As amostras das distribuições condicionais completas foram obtidas por meio do amostrador de Gibbs utilizando o programa GIBBS3F90 (Misztal, 2010). Foram consideradas cadeias de 330.000 amostras, com descarte inicial de 30.000 amostras e amostragens dos valores dos componentes de covariância a cada 100 ciclos. O tamanho da cadeia foi definido em análises preliminares, segundo o método de Raftery & Lewis (1992), disponíveis no pacote BOA (Smith, 2005), do *software* R (The R Foundation for Statistical Computing, 2009). A convergência das cadeias definitivas foi avaliada por intermédio do critério proposto por Geweke (1992) disponível no mesmo programa e por inspeção visual dos valores amostrados a cada iteração.

A representação dos modelos de regressão aleatória foi definida de acordo com a seguinte sigla,  $LEG_{k_b, k_a, k_m, k_p, k_c, r}$ , em que  $LEG$  representa o polinômio ortogonal de Legendre;  $k_b$ ,  $k_a$ ,  $k_m$ ,  $k_p$ ,  $k_c$  e  $r$  são os números de coeficientes de regressão (incluindo o intercepto) para modelagem da trajetória média de crescimento, funções de covariâncias para os efeitos genéticos aditivos direto e materno, de ambiente permanente direto e materno, e o número de classes de variâncias residuais, respectivamente.

As comparações de modelos foram realizadas com base nos critérios:

Variância Residual Total (VRT):  $VRT = \sum_{j=146}^{597} rv_{mj}$ , em que:  $rv$  representa a média *a posteriori* da variância residual calculada para o dia  $j$ ;

Deviance Information Criterion (DIC) proposto por Spiegelhalter et al. (2002):  $DIC = 2\bar{D}(\theta) - D(\bar{\theta})$ , em que:  $\bar{D}(\theta) = E_{\theta|y}[D(\theta)]$ , representa a esperança *a posteriori* dos desvios bayesianos e  $D(\bar{\theta}) = -2\log p(y|\bar{\theta})$ , indica a qualidade de ajuste do modelo; e

Bayesian Information Criterion (BIC) proposto por Schwarz (1978):  $BIC = \bar{D}(\theta) + par[\log(n)]$ , em que:  $par$  é o número de parâmetros aleatórios do modelo e  $\log(n)$  é o logaritmo natural do número de observações. Os modelos com menores valores dos DIC e BIC foram preferidos, uma vez que isto indica ajuste de melhor qualidade associado a menor grau de complexidade.

A comparação dos modelos iniciou-se com o modelo mais parametrizado, utilizando polinômios do quinto grau para todos os efeitos aleatórios e variância residual homogênea. Inicialmente ajustou-se a trajetória média de crescimento da população variando a ordem do polinômio de Legendre do linear ao quártico, mantendo a ordem dos demais efeitos constantes ( $k = 6$ ) e variância residual homogênea. As ordens dos polinômios foram definidas quando dois ou mais critérios indicaram o mesmo modelo. Após o ajuste da trajetória média de crescimento, tal procedimento foi repetido para os demais efeitos aleatórios, sendo estes modelados na seguinte ordem: efeito genético aditivo direto, genético aditivo materno, de ambiente permanente direto, de ambiente permanente materno e finalmente a variância residual, com um total de 23 modelos de regressão aleatória avaliados.

Adicionalmente, foram obtidos os valores genéticos para os pesos em todas as idades disponíveis no intervalo de 146 aos 597 dias, dos animais com informações de pesos válidos. Os valores genéticos foram calculados a partir das médias *a posteriori* dos coeficientes de regressão de cada animal referentes ao efeito genético aditivo direto, e utilizados na regressão

múltipla dos valores genéticos dos animais em função da idade no dia da pesagem e do ano de nascimento, de modo a obter a superfície de resposta dos valores genéticos. Para o melhor ajuste da superfície de resposta foram testados quatro modelos que podem ser descritos da seguinte forma:

$$VG_{jp} = b_0 + b_1 id_j + b_2 a_p + e_{jp};$$

$$VG_{jp} = b_0 + b_1 id_j + b_2 a_p + b_{12} id_j a_p + e_{jp};$$

$$VG_{jp} = b_0 + b_1 id_j + b_{12} id_j a_p + e_{jp};$$

$$VG_{jp} = b_0 + b_1 id_j + b_3 id_j^2 + b_2 a_p + b_{12} id_j a_p + b_{23} id_j^2 a_p + e_{jp};$$

em que:  $VG_{jp}$  = valores genéticos médio dos animais em função do ano de nascimento  $p$  e idade no dia da pesagem  $j$ ;  $b_0$  = intercepto;  $b_1$  = coeficiente de regressão linear para o idade no dia da pesagem;  $b_2$  = coeficiente de regressão para o ano de nascimento;  $b_3$  = coeficiente de regressão quadrático da idade no dia da pesagem;  $b_{12}$  = coeficiente de regressão da interação entre o ano de nascimento e da idade no dia da pesagem (linear);  $b_{23}$  = coeficiente de regressão da interação entre o ano de nascimento e da idade no dia da pesagem (quadrático);  $a_p$  = ano de nascimento  $p$ ,  $id_j$  = idade no dia da pesagem  $j$ , e  $e_{jp}$  = resíduo associado a cada observação.

As análises de regressão múltipla foram realizadas no programa R por meio do comando `lm` (linear model) e os resultados da regressão foram compilados por intermédio do comando `summary`, que forneceu os valores  $p$  associados a cada coeficiente de regressão e os coeficientes de determinação ajustados dos modelos ( $R_{aj}^2$ ).

## 2.4. Resultados e Discussão

O peso dos animais aumentou ao longo do intervalo de idades. O ganho médio diário entre 146 e 205 dias de idade foi 0,58 Kg/dia. Entre 205 e 365 dias, aproximadamente, o ganho médio diário foi 0,15 Kg/dia e a partir dos 365 dias foi 0,50 Kg/dia (Figura 2.1). A menor velocidade de crescimento observada após a desmama pode ser resultado do estresse causado pela mesma, associado a fatores ambientais como a baixa qualidade e a pouca disponibilidade de forragens para os animais, uma vez que estes foram desmamados no início da estação seca. Os desvios-padrão apresentaram maiores valores com o aumento da idade (Figura 2.1), comportamento semelhante ao observado para a média dos pesos. Os

coeficientes de variação mantiveram-se constantes ao longo de todo o intervalo avaliado (Figura 2.1), demonstrando associação entre a média de peso e o desvio-padrão.

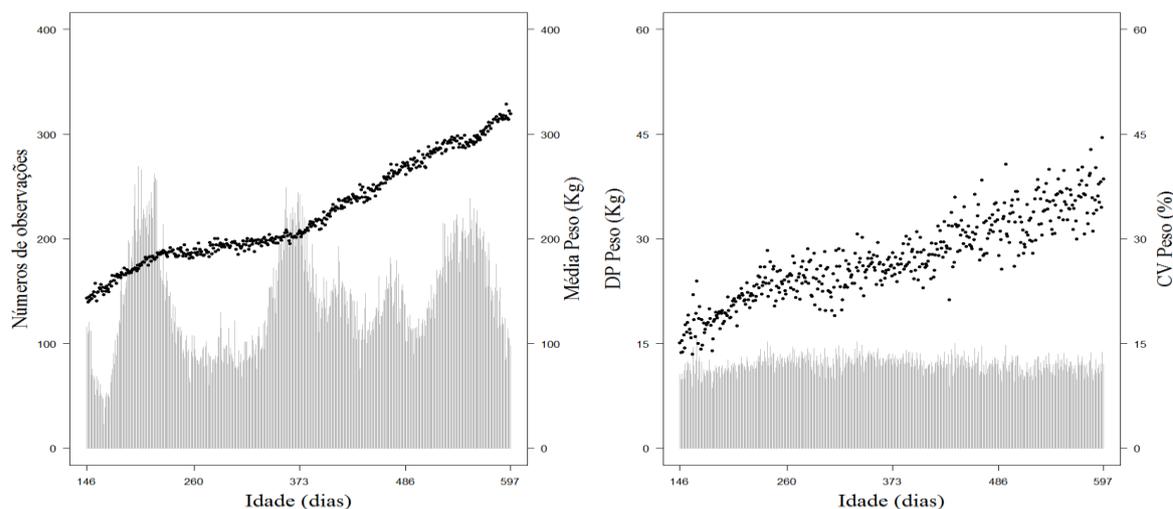


Figura 2.1. Número de observações (barras cinzas) e média (pontos pretos) (esquerda), e desvios-padrão (DP, pontos pretos) e o coeficiente de variação (CV, barras cinzas) (direita) do peso de bovinos Nelore, em função da idade.

Os critérios de seleção de modelos foram divergentes na escolha do modelo com melhor ajuste para a trajetória média de crescimento. O modelo com polinômio linear foi indicado pelo DIC e o cúbico pela VRT e o BIC (Tabela 2.1). Para a escolha da trajetória média de crescimento mais adequada foi realizada a inspeção gráfica dos valores estimados (não apresentada), e verificou-se que a curva descrita pelo polinômio cúbico aproximou-se mais das médias observadas, sendo mais adequada para representar o padrão das diferenças nos ganhos médios diários que ocorreram nas diferentes fases de crescimento. Em geral, polinômios de Legendre de terceiro grau são suficientes para modelar a trajetória média de crescimento de zebuínos (Albuquerque & Meyer, 2001; Nobre et al., 2003b e Dias et al., 2006).

Tabela 2.1. Número de coeficientes de regressão dos polinômios de Legendre para a trajetória média de crescimento ( $k_b$ ), aditivo direto ( $k_a$ ) e materno ( $k_m$ ), de ambiente permanente individual ( $k_p$ ) e materno ( $k_c$ ), número de classes de variância residual ( $r$ ), número de parâmetros do modelo ( $p$ ), variância residual total (VRT), Deviance Information Criterion (DIC) e Bayesian Information Criterion (BIC), para os modelos de regressão aleatória utilizados na análise do peso de bovinos Nelore

Modelo	$k_b$	$k_a$	$k_m$	$k_p$	$k_c$	$r$	$P$	VRT	DIC	BIC
LEG <sub>666661</sub>	6	6	6	6	6	1	85	67,650	484.890,3825	451.426,8959
LEG <sub>566661</sub>	5	6	6	6	6	1	85	67,639	484.661,7443	451.427,6869
LEG <sub>466661</sub>	4	6	6	6	6	1	85	67,436	484.919,8194	451.224,6586
LEG <sub>366661</sub>	3	6	6	6	6	1	85	67,563	484.872,5753	451.333,1918
LEG <sub>266661</sub>	2	6	6	6	6	1	85	67,600	484.258,5092	451.385,2439
LEG <sub>466661</sub>	4	6	6	6	6	1	85	67,436	484.919,8194	451.224,6586
LEG <sub>456661</sub>	4	5	6	6	6	1	79	67,431	484.526,6030	451.158,9739
LEG <sub>446661</sub>	4	4	6	6	6	1	74	67,627	485.304,0225	451.291,7655
LEG <sub>436661</sub>	4	3	6	6	6	1	70	68,413	486.167,7239	451.975,9749
LEG <sub>426661</sub>	4	2	6	6	6	1	67	68,661	486.211,3741	452.183,2367
LEG <sub>456661</sub>	4	5	6	6	6	1	79	67,431	484.526,6030	451.563,1246
LEG <sub>455661</sub>	4	5	5	6	6	1	73	67,714	484.937,4184	451.242,2858
LEG <sub>454661</sub>	4	5	4	6	6	1	68	67,569	485.171,4708	451.161,3844
LEG <sub>453661</sub>	4	5	3	6	6	1	64	67,693	484.908,5542	451.363,4255
LEG <sub>452661</sub>	4	5	2	6	6	1	61	68,081	485.325,7225	451.158,9739
LEG <sub>456661</sub>	4	5	6	6	6	1	79	67,431	484.526,6030	451.563,1246
LEG <sub>456561</sub>	4	5	6	5	6	1	73	72,470	487.381,1833	455.693,2937
LEG <sub>456461</sub>	4	5	6	4	6	1	68	73,270	487.930,7835	456.352,9128
LEG <sub>456361</sub>	4	5	6	3	6	1	64	73,920	488.192,5718	456.854,9418
LEG <sub>456261</sub>	4	5	6	2	6	1	61	74,951	489.237,2674	457.721,4961
LEG <sub>456661</sub>	4	5	6	6	6	1	79	67,431	484.526,6030	451.563,1246
LEG <sub>456651</sub>	4	5	6	6	5	1	73	67,601	484.784,4113	451.245,5605
LEG <sub>456641</sub>	4	5	6	6	4	1	68	68,162	484.963,4972	451.718,2141
LEG <sub>456631</sub>	4	5	6	6	3	1	64	67,640	484.232,7473	451.190,6295
LEG <sub>456621</sub>	4	5	6	6	2	1	61	67,829	485.283,5462	451.342,2030
LEG <sub>456661</sub>	4	5	6	6	6	1	79	67,431	484.526,6030	451.563,1246
LEG <sub>456664</sub>	4	5	6	6	6	4	82	64,112	476.435,2238	441.450,0476
LEG <sub>456668</sub>	4	5	6	6	6	8	86	62,647	476.029,1505	440.603,9137

Os critérios de comparação de modelos considerados, de modo geral, indicaram a necessidade de utilização de polinômios ortogonais de ordens elevadas para modelar os efeitos aleatórios do modelo (Tabela 2.1). Apesar do DIC e BIC penalizarem modelos mais parametrizados, o incremento no número de parâmetros melhorou o ajuste dos modelos. Polinômios de Legendre do quinto grau foram necessários para modelar os efeitos aleatórios, exceto o genético aditivo direto, para o qual o polinômio de quarto grau proporcionou o melhor ajuste. De acordo com Arango et al. (2004), polinômios de Legendre de ordens elevadas são necessários para modelar o padrão cíclico de características de crescimento, que estão sujeitas a fatores sazonais e climáticos. O intervalo de 451 dias (146 – 597) permite que os animais passem por diferentes estações climáticas (época das secas e das águas). Este fato pode causar maiores oscilações nas medidas de peso e na variância fenotípica, o que respalda a utilização de polinômios de ordens elevadas para a modelagem dos efeitos aleatórios do modelo, por serem mais flexíveis e se adaptarem melhor a trajetórias irregulares. Contudo, cabe ressaltar que a utilização desses polinômios resulta em incremento no número de parâmetros do modelo e, conseqüentemente, maior requerimento computacional.

Os modelos com variância residual heterogênea ajustaram-se melhor aos dados em relação ao modelo com homogeneidade de variância (Tabela 2.1), sendo o modelo com oito classes de idades indicado por todos os critérios de comparação de modelos como o mais adequado. O resultado deste trabalho corrobora com o observado por Albuquerque & Meyer (2001), Nobre et al. (2003b), Dias et al. (2006), Boligon et al. (2010), Toral et al. (2009) e Baldi et al. (2010), que verificaram que a variância residual não é constante ao longo do intervalo e também indicaram modelos com classes de variância residual para modelar tal efeito. De acordo com Toral et al. (2009), a heterogeneidade de variância residual pode ser explicada pela distribuição irregular dos dados ao longo do intervalo, com menor número de registros nas extremidades. Além disso, os mesmos autores sugeriram a possibilidade de tratamentos diferenciados para alguns animais ao longo de sua vida, sem que estes tratamentos sejam corretamente considerados no modelo.

O modelo  $LEG_{456668}$ , com 86 parâmetros, foi indicado como o mais adequado pelos critérios de ajuste para descrever as mudanças na trajetória de crescimento e nos componentes de (co)variâncias do peso dos 146 aos 597 dias em bovinos da raça Nelore (Tabela 2.1). De modo geral, os maiores valores de variância foram obtidos para o intercepto de todos os efeitos (Tabela 2.2). As correlações entre o intercepto e o coeficiente linear foram positivas para todos os efeitos aleatórios, exceto para o ambiente permanente materno. Além disso,

foram observadas correlações negativas entre o intercepto e o coeficiente do quarto grau para todos os efeitos aleatórios. Tais resultados corroboram com aqueles obtidos por Albuquerque & Meyer (2001), Boligon et al. (2010) e Baldi et al. (2010), em avaliações genéticas de trajetórias de crescimento de bovinos de corte.

Tabela 2.2. Médias *a posteriori* da variância (diagonal), covariância (abaixo da diagonal), e correlações (acima da diagonal) dos coeficientes de regressão e os autovalores ( $\lambda$ ) das matrizes de covariâncias do modelo LEG<sub>456668</sub>

Efeitos	Ordem	0	1	2	3	4	5	$\lambda$
Genético aditivo direto	0	175,760	0,440	0,240	0,270	-0,300	-	196,520
	1	39,270	45,200	0,094	-0,260	0,006	-	79,253
	2	20,761	4,065	41,026	0,590	-0,480	-	34,262
	3	26,312	-12,857	28,333	56,075	-0,480	-	12,873
	4	-14,826	0,179	-11,616	-13,619	14,228	-	9,179
Genético aditivo materno	0	15,493	0,440	-0,250	-0,240	-0,150	0,032	17,060
	1	3,549	4,153	-0,280	-0,350	-0,310	0,420	4,556
	2	-1,543	-0,909	2,462	0,500	0,054	-0,250	2,889
	3	-1,524	-1,176	1,271	2,646	-0,140	-0,280	1,628
	4	-0,761	-0,844	0,116	-0,314	1,754	-0,300	1,091
	5	0,169	1,093	-0,496	-0,573	-0,499	1,586	0,853
Permanente direto	0	425,680	0,680	-0,051	-0,160	-0,270	0,023	496,51
	1	158,250	126,550	0,100	-0,450	-0,150	0,210	72,343
	2	-6,347	6,884	36,256	0,330	-0,630	-0,190	49,058
	3	-20,468	-30,888	11,924	37,089	-0,041	-0,870	18,359
	4	-14,958	-4,433	-10,166	-0,660	7,083	0,210	3,771
	5	1,303	6,525	-3,141	-14,325	1,510	7,392	-0,001
Permanente materno	0	30,345	-0,390	-0,083	0,420	-0,920	0,270	31,624
	1	-3,388	2,522	-0,440	-0,760	0,320	0,015	3,622
	2	-0,462	-0,711	1,034	0,520	0,240	-0,300	0,921
	3	3,100	-1,631	0,712	1,806	-0,280	-0,260	0,582
	4	-3,698	0,365	0,183	-0,276	0,526	-0,048	0,340
	5	1,378	0,022	-0,282	-0,320	-0,032	0,858	0,001

Os menores autovalores das matrizes de covariâncias dos efeitos aleatórios foram muito pequenos em comparação ao maior autovalor (Tabela 2.2). Em geral, eles foram

menores que 0,04% em relação ao maior autovalor, exceto no caso de efeito de ambiente materno quando esta relação foi de 4,98%. De acordo com Nobre et al. (2003b), esse comportamento indica que as ordens dos polinômios de Legendre utilizados proporcionaram ajuste suficiente para todos os efeitos aleatórios do modelo  $LEG_{456668}$ .

As médias *a posteriori* das variâncias do efeito genético aditivo direto foram crescentes ao longo do intervalo de idades, com oscilações próximas aos extremos e na desmama (Figura 2.2). O comportamento irregular da curva pode ser justificado pela ordem e o tipo de polinômio utilizado. De acordo com Meyer (2000), a flexibilidade dos polinômios de Legendre é proporcional a sua ordem, com trajetórias mais irregulares à medida que o grau do polinômio aumenta. Os maiores valores de variância nos extremos do intervalo (Figura 2.2) estão de acordo com os relatos de Meyer (2005). Segundo a autora, polinômios de Legendre de ordem elevadas atribuem muita ênfase nas informações dos extremos do intervalo, e estão associados a estimativas irreais dos componentes de (co)variâncias nessas regiões e dificuldade na uniformidade do ajuste ao longo da curva. Além da ordem do polinômio utilizado, outra justificativa para o resultado obtido seria a grande proporção de animais (42%) com menos de cinco observações, que eram importantes para um ajuste mais adequado do polinômio de quarto grau.

As médias *a posteriori* das variâncias de ambiente permanente direto aumentaram ao longo de todo o intervalo, com crescimento acentuado depois dos 373 dias (Figura 2.2). Essa tendência pode ser justificada em razão do caráter cumulativo deste efeito (Schaeffer, 2001). Os maiores valores de variância de ambiente permanente direto refletiram na variância fenotípica, principalmente após os 373 dias. Albuquerque & Meyer (2001) e Boligon et al. (2010) relataram comportamentos similares para o efeito de ambiente permanente em avaliações de trajetórias de crescimento de bovinos da raça Nelore.

As médias *a posteriori* das variâncias do efeito genético aditivo materno foram constantes na maior parte do tempo e oscilaram nas extremidades do intervalo (Figura 2.2). Os menores valores de variância próximos aos 205 dias não corroboram com aqueles obtidos por Nobre et al. (2003b) e Boligon et al. (2010), que encontraram maiores valores de variância próximo a essa idade. Uma possível explicação para esta diferença seria a menor ordem dos polinômios de Legendre (quadrático e cúbico) utilizados nos estudos citados, uma vez que eles estão menos sujeitos a comportamentos oscilatórios e estimativas de variâncias incoerentes nos extremos do intervalo.

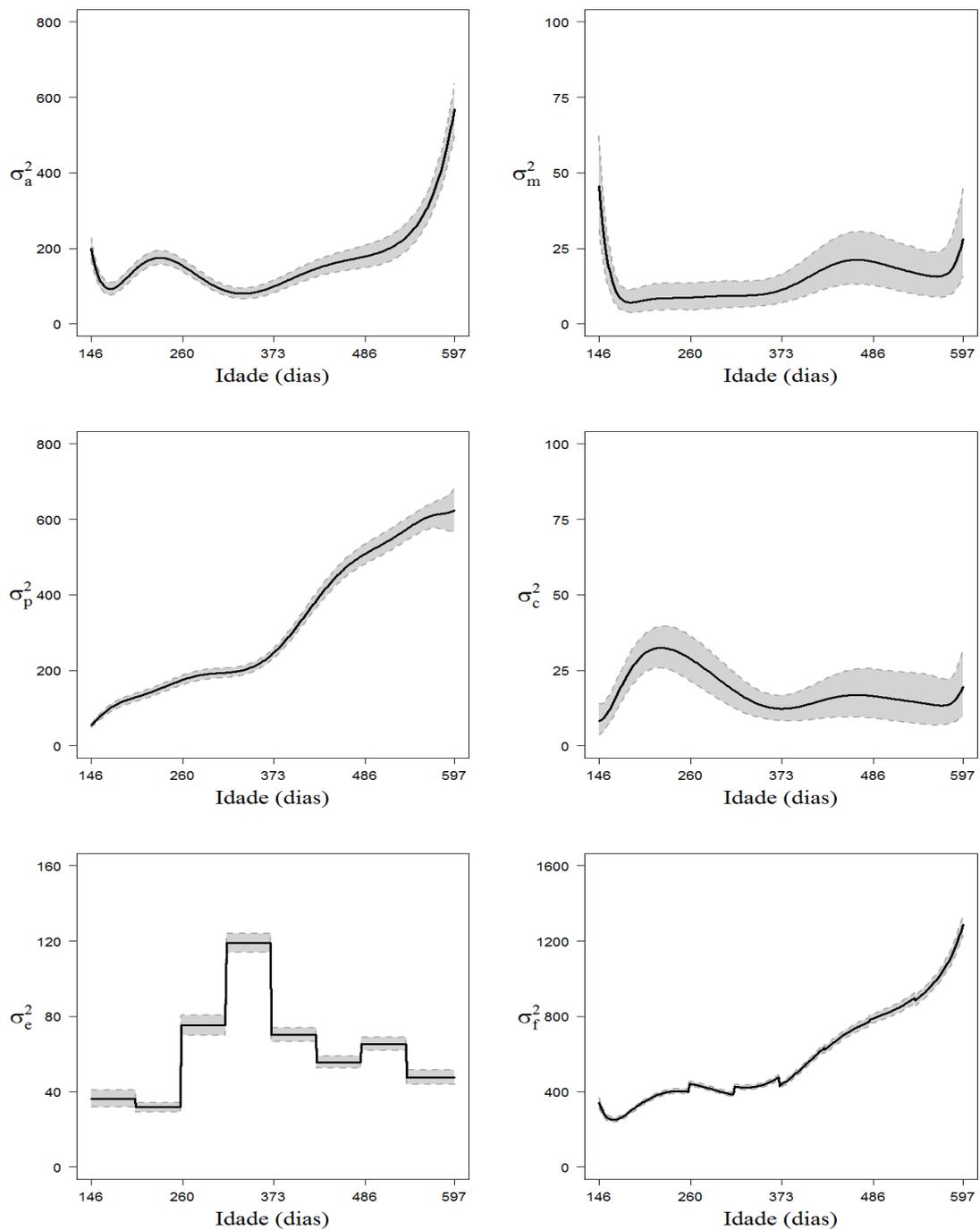


Figura 2.2. Médias *a posteriori* e intervalo de alta densidade (95%) da variância genética aditiva direta ( $\sigma_a^2$ ) e materna ( $\sigma_m^2$ ), de ambiente permanente direto ( $\sigma_p^2$ ) e materno ( $\sigma_c^2$ ), residual ( $\sigma_e^2$ ) e fenotípica ( $\sigma_f^2$ ) para peso de bovinos Nelore, obtidas pelo modelo  $LEG_{456668}$ .

As médias *a posteriori* dos valores de variância do efeito de ambiente permanente materno diminuíram ao longo de todo intervalo com oscilações na desmama e ao sobreano (Figura 2.2). A redução dos valores de variância depois dos 225 dias pode estar relacionada

com a desmama, uma vez que os animais perdem o contato com a mãe, reduzindo a influência desse efeito.

As médias *a posteriori* dos valores da variância residual para as classes de idade, foram elevadas dos 258 aos 369 dias e estabilizaram após essa idade (Figura 2.2). Os maiores valores observados para a terceira e quarta classes de idade, podem ser explicadas pela formação de novos lotes de manejo depois da desmama. Neste período, os animais foram reagrupados de acordo com sexo e a faixa etária, e essas mudanças podem ter contribuído para o aumento da variância residual. A partir da quinta classe de idade os valores da variância residual diminuem e começam a estabilizar em função da adaptação dos animais ao lote, uma vez que estes permanecem por um período prolongado no mesmo lote de criação.

As médias *a posteriori* da variância fenotípica apresentaram decréscimo dos 146 aos 164 dias e, logo em seguida, exibiram tendência de crescimento até o final do intervalo (Figura 2.2). O comportamento observado no início da trajetória é consequência das estimativas elevadas de variância do efeito genético aditivo direto. Foram observados também maiores valores de variância fenotípica ao final do intervalo. Tal resultado pode ser reflexo da maior média de peso em idades avançadas e demonstram que as diferenças fenotípicas entre os animais, para esta característica, tornam-se maiores nessas idades.

As médias *a posteriori* da herdabilidade direta apresentaram maiores valores nos extremos do intervalo (Figura 2.3). A superestimação da herdabilidade direta no início da trajetória é decorrente dos maiores valores de  $\sigma_a^2$ . No início do intervalo de idades os valores de herdabilidade devem ser avaliados com cautela, pois o ajuste da curva para o efeito genético aditivo direto pode não ter sido adequado. Também foi observado aumento dos valores de herdabilidade ao final do intervalo (Figura 2.3). Apesar dos maiores valores de  $\sigma_a^2$ , foi observado estabilização da  $\sigma_c^2$  depois dos 373 dias (Figura 2.2), em função da permanência dos animais no mesmo lote de criação por um período prolongado. Este fato corrobora os valores de herdabilidade direta obtidos para essas idades. Em geral, os valores de herdabilidade direta foram de média a alta magnitude, com mínimo de 0,18 e máximo de 0,58. Os resultados indicaram que existe variabilidade genética suficiente para obtenção de progressos genéticos para peso por meio da seleção em todas as idades. Contudo, o período para a maior resposta à seleção é ao final do intervalo em função dos maiores valores das variâncias aditiva direta e fenotípica, associadas a valores elevados de herdabilidade.

Os valores de herdabilidade do presente estudo foram próximos aos obtidos Boligon et al. (2010), com valores de 0,34 do nascimento a 0,42 ao sobreano, e também corroboram aqueles obtidos por Albuquerque & Meyer (2001). Contudo, eles foram inferiores ao valor mínimo de 0,58 estimado por Scalez et al. (2014) para o peso pós-desmama de bovinos Nelore em provas de ganho em peso. Uma possível explicação para as diferenças nas herdabilidade com relação ao trabalho de Scalez et al. (2014) pode ser a não inclusão dos efeitos maternos no estudo citado, o que pode ter superestimado a variância aditiva direta.

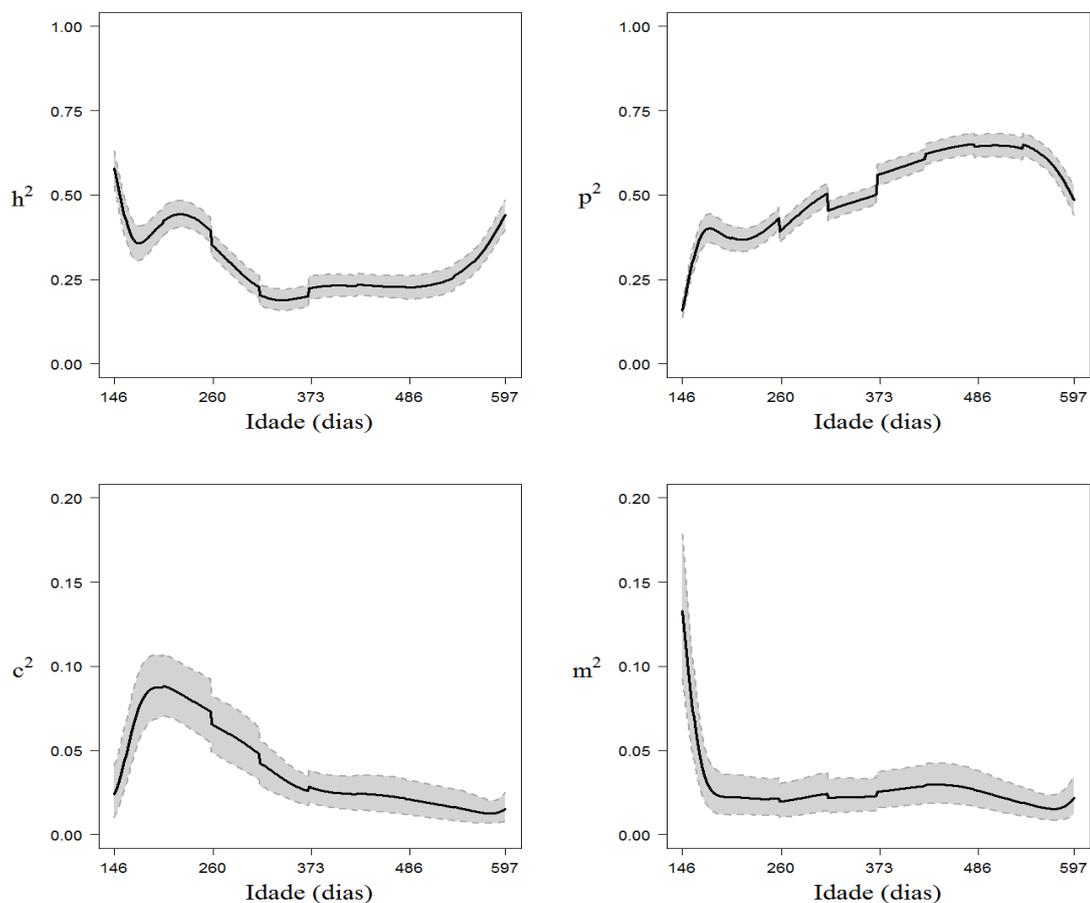


Figura 2.3. Médias *a posteriori* e intervalo de alta densidade (95%) para herdabilidade direta ( $h^2$ ) e materna ( $m^2$ ), e variâncias de ambiente permanente direto ( $p^2$ ) e materno ( $c^2$ ) expressas como proporção da variância fenotípica, para peso de bovino de Nelore obtidas pelo modelo  $LEG_{456668}$ .

As variâncias do efeito de ambiente permanente direto, expressas como proporção da variância fenotípica, apresentaram aumento dos 146 aos 547 dias, e em seguida, foram

reduzindo até o final do intervalo (Figura 2.3). Os resultados no início da trajetória podem ter sido superestimados em função dos maiores valores de variância do efeito genético aditivo direto. Em geral, a magnitude desse componente foi de média a alta, com valor mínimo de 0,15 e máximo de 0,64. O efeito de ambiente permanente direto tem maior influência em idades mais avançadas, o que pode ser explicado em função do seu caráter cumulativo (Schaeffer, 2001). O comportamento não constante para o efeito de ambiente permanente foi observado por Albuquerque & Meyer (2001) e por Nephawe (2004).

As médias *a posteriori* da herdabilidade do efeito materno apresentaram tendência de redução durante todo o intervalo (Figura 2.3). Os valores de herdabilidade materna podem ter sido superestimados apenas dos 146 aos 160 dias, em função dos maiores valores de variância deste efeito nesse ponto. De modo geral, os valores de herdabilidade materna foram de baixa a média magnitude, com valor mínimo de 0,015 e máximo de 0,13. Os resultados sugerem que a seleção para este componente implicará em menor resposta do que a seleção para o efeito direto. Tendências diferentes para esse efeito foram obtidas por Albuquerque & Meyer (2001), Nobre et al. (2003b) e Boligon et al. (2010), com aumento do efeito materno do nascimento aos 205 dias e redução após a desmama.

As médias *a posteriori* da variância do efeito de ambiente permanente materno, expressa como proporção da variância fenotípica, apresentaram tendência de crescimento dos 146 aos 205 dias, e exibiram redução após este ponto e até o final do intervalo (Figura 2.3). Tal comportamento difere do observado por Albuquerque & Meyer (2001), para dados de peso do nascimento aos 630 dias em bovinos Nelore. As autoras obtiveram estimativas de variância de ambiente permanente materno constante ao longo de todo o intervalo.

Em geral, os efeitos maternos neste estudo apresentaram redução após o período da desmama, indicando que tais efeitos tem pouca importância em idades mais avançadas. Contudo, a inclusão dos efeitos maternos para a análise de dados desta população pode ser respaldada pela estrutura consistente do banco de dados, com média de 3,3 filhos/vaca, 72,04% das vacas com mais de um filho e 55% das vacas com registros de desempenho próprio. Esses fatores contribuem para a melhor divisão da variância dentro e entre vacas, bem como a partição da variância total, o que resulta em estimativas mais acuradas dos valores genéticos. Além disso, a não inclusão dos efeitos maternos nessa população poderia superestimar a variância genética aditiva direta e, conseqüentemente, os valores genéticos dos animais, resultando em menor ganho genético do que o esperado.

As médias *a posteriori* das correlações para todos os efeitos aleatórios entre as idades 205, 365 e 550 dias apresentaram comportamentos semelhantes (Tabela 2.3), sendo positivas e de baixa a alta magnitude, dependendo do efeito. Em geral, os valores de correlação decrescem à medida que a distância entre as idades aumenta. Contudo, foram observadas oscilações não esperadas nas correlações para o efeito aditivo direto e materno, e também para as correlações fenotípicas (Tabela 2.3). Esse comportamento também foi verificado por Meyer (2001) em avaliações do crescimento do nascimento a desmama de bovinos mestiços e puros da raça Polled Hereford. De acordo com a autora, o padrão inadequado dos valores de correlação são artefatos do polinômio de Legendre de ordem elevada, e podem ocorrer por efeitos de amostragem, menores valores de variâncias para algumas idades e menor número de observações entre os pares de idades. Os resultados do presente estudo não corroboram com os encontrados por Albuquerque & Meyer (2001) e Boligon et al. (2010), que estimaram maiores valores de correlações e padrões mais adequados para este parâmetro. De modo geral, os resultados do presente estudo sugerem que a seleção para aumentar o peso em uma dessas idades irá promover mudanças de mesmo sentido no peso em outras idades.

Tabela 2.3. Médias *a posteriori* e intervalos de alta densidade (95%) das correlações genéticas aditivas diretas (diagonal superior) e materna (diagonal inferior) (a), de ambiente permanente direto (diagonal superior) e materna (diagonal inferior) (b), e fenotípica (diagonal superior) (c) para o peso aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias em bovinos Nelore, obtidas pelo modelo  $LEG_{456668}$

a)	P205	P365	P550
P205	-	0,22 (0,12 – 0,32)	0,62 (0,55 – 0,68)
P365	0,37 (0,05 – 0,63)	-	0,42 (0,33 – 0,51)
P550	0,51 (0,25 – 0,75)	0,58 (0,33 – 0,77)	-
b)	P205	P365	P550
P205	-	0,53 (0,49 – 0,57)	0,51 (0,48 – 0,55)
P365	0,91 (0,84 – 0,97)	-	0,71 (0,68 – 0,73)
P550	0,79 (0,61 – 0,94)	0,89 (0,77 – 0,97)	-
c)	P205	P365	P550
P205	-	0,22 (0,12 -0,32)	0,62 (0,55 – 0,68)
P365	-	-	0,42 (0,33 – 0,51)
P550	-	-	-

A análise dos três primeiros autovalores das matrizes de covariâncias do efeito genético aditivo direto foi responsável por explicar 93,35% da variação genética aditiva total (Figura 2.4). O primeiro autovalor correspondeu a maior parte da variação, com 59,17%, e sua autofunção apresentou valores negativos ao longo de toda a curva. Segundo Van der Werf (2001), os valores das autofunções são irrelevantes para a interpretação do resultado, o que deve ser considerado é o comportamento desses valores ao longo da trajetória e a magnitude do autovalor. Sendo assim, a seleção para a primeira autofunção provavelmente resultará em mudanças no mesmo sentido para os pesos em diferentes idades. Resultados semelhantes foram observados por Boligon et al. (2010) em bovinos Nelore, indicando que a seleção para a primeira autofunção resultaria em mudanças de grande magnitude e de mesmo sentido para os pesos em diferentes idades.

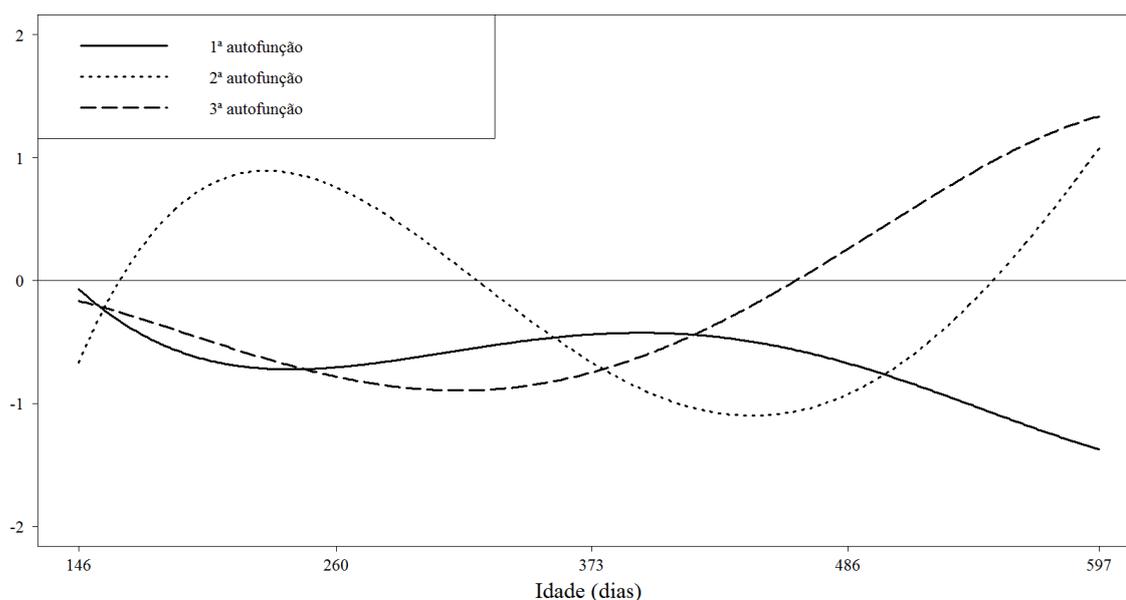


Figura 2.4. Autofunções associadas aos três maiores autovalores da matriz de (co)variância do efeito genético aditivo direto para peso de bovinos Nelore, obtidos na análise com o modelo  $LEG_{456668}$ .

A segunda e a terceira autofunções descreveram trajetórias irregulares com valores negativos e positivos (Figura 2.4). Tal comportamento foi mais evidente para a segunda autofunção. O resultado indica que a seleção para esses componentes pode resultar em resposta a seleção divergente nos pontos da curva que apresentam valores com sinais distintos. Mudanças genéticas nas trajetórias seriam esperadas se a seleção fosse realizada

para essas funções, uma vez que o segundo e o terceiro autovalores corresponderam a 23,86 e 10,31% da variação genética aditiva total, respectivamente.

A seleção baseada nas três primeiras autofunções pode resultar em menor resposta a seleção para algumas idades, uma vez que mudanças nas trajetórias podem ocorrer de maneira divergente para cada autofunção. Associado a este fato, o segundo e terceiro autovalor descreveram 34,17% da variação genética aditiva total, sendo responsáveis por mudanças genéticas de grande magnitude. Portanto, o progresso genético da população seria comprometido ao longo das gerações, caso esse critério de seleção fosse adotado.

O melhor modelo para descrever a superfície de resposta dos valores genéticos em função da idade e do ano de nascimento foi  $VG_{jp} = b_1 id_j + b_{12} id_j a_p + e_{jp}$ , cujos componentes foram explicados anteriormente. Este foi o único modelo com todos os coeficientes de regressão significativos ( $p \leq 0,1$ ) e com maior valor de  $R_{aj}^2$ . Em geral, a superfície de resposta dos valores genéticos apresentou médias superiores com o aumento da idade no dia da pesagem e do ano de nascimento (Figura 2.5). Esse resultado, associado aos maiores valores de herdabilidade ao final do intervalo, demonstrou que a resposta à seleção foi maior nessas idades e que o rebanho apresentou evolução nos valores genéticos ao longo de 17 anos de seleção considerados no presente trabalho.

$$\hat{VG}_{jp} = 2,04 - 3,78id_j + 0,002id_j a_p, R_{aj}^2 = 0,57$$

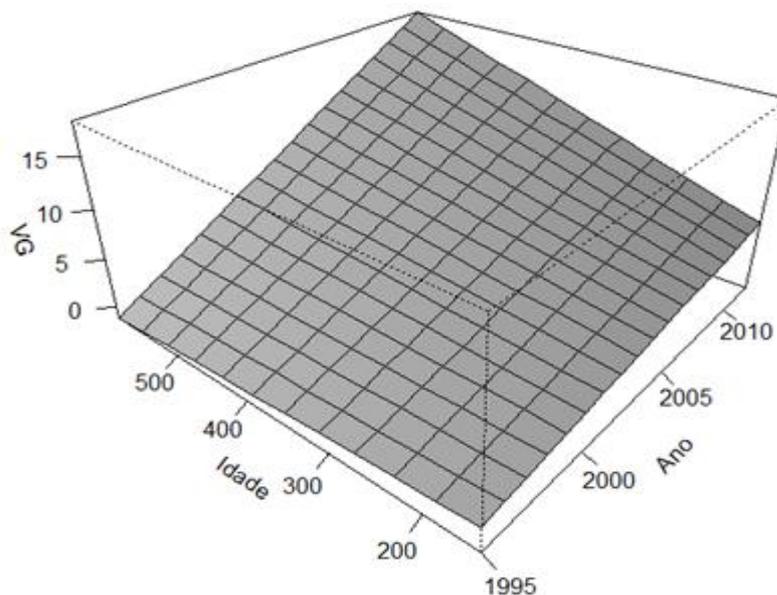


Figura 2.5. Superfície de resposta dos valores genéticos para peso de bovinos Nelore, em função da idade e do ano de nascimento.

Dessa forma, a superfície de resposta dos valores genéticos para esta população permitiu inferir que a seleção praticada na fazenda promoveu mudanças nos valores genéticos diretos dos animais e nas médias de pesos, indicando que os critérios de seleção considerados na propriedade são adequados para esta finalidade.

## **2.5. Conclusões**

A modelagem do padrão cíclico das medidas de peso de bovinos Nelore entre 146 e 597 dias de idade exige o uso de polinômios de Legendre de ordem elevada para descrever corretamente as mudanças nas variâncias associadas aos efeitos aleatórios.

A variabilidade genética existente no rebanho estudado é suficiente para promover mudanças genéticas e fenotípicas das medidas de peso em qualquer idade do intervalo considerado, sendo as respostas à seleção mais eficientes nas idades finais do intervalo.

A análise da superfície de resposta dos valores genéticos demonstra mudanças genéticas para estas características ao longo dos 17 anos de seleção considerados neste estudo.

### 3. PARÂMETROS GENÉTICOS PARA RESISTÊNCIA A CARRAPATOS, NEMATOIDES GASTROINTESTINAIS E *EIMERIA* SPP. EM BOVINOS NELORE POR MEIO DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

#### 3.1. Resumo

Objetivou-se obter parâmetros genéticos para resistência a carrapatos, nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp. em bovinos Nelore com modelos de regressão aleatória em análises uni e bicaracterísticas. Foram utilizados 4.270, 3.872 e 3.872 registros de contagens de carrapatos, ovos de nematoides gastrointestinais e oocistos de *Eimeria* spp. por grama de fezes, provenientes de 1.188, 1.142 e 1.142 animais, respectivamente, com idades entre 146 e 597 dias. Os animais foram classificados em resistentes (contagens iguais a zero) ou susceptíveis (contagens superiores a zero) para cada parasito. As amostras das distribuições *a posteriori* dos parâmetros genéticos foram obtidas por meio do amostrador de Gibbs. Os modelos estatísticos contemplaram os efeitos fixos de grupo de contemporâneo e a trajetória média, e como efeitos aleatórios, o genético aditivo e ambiente permanente direto e o resíduo. A trajetória média e os efeitos aleatórios foram modelados com polinômios de Legendre de linear ao quinto grau. A trajetória média da resistência a carrapatos e nematoides gastrointestinais foi modelada satisfatoriamente com polinômios lineares e um polinômio cúbico foi necessário para modelar a trajetória média da resistência a *Eimeria* spp. Polinômios lineares se ajustaram de maneira satisfatória aos efeitos aleatórios incluídos nos modelos para as resistências aos três parasitos. Os valores de herdabilidade foram de baixa a alta magnitude e variaram entre 0,07 a 0,30, 0,02 a 0,34 e 0,04 a 0,39 para a resistência a carrapatos, nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp., respectivamente. Em geral, as médias *a posteriori* das correlações genéticas e ambientais entre as características de resistência foram baixas e os intervalos de alta densidade foram amplos, e incluíram o zero em muitos casos. As médias *a posteriori* das correlações genéticas e ambientais aos 205, 365, 450 e 550 dias para a mesma característica, foram favoráveis em idades próximas e desfavoráveis nos extremos. Verificou-se a existência de variabilidade genética para as características de resistência em bovinos Nelore, e estas podem ser incluídas nos programas de seleção da raça. A seleção pode aumentar a frequência de animais resistentes em qualquer idade do intervalo avaliado.

**Palavras chaves:** bovino de corte, bayesiana, correlação, herdabilidade, resistência

### 3.2. Introdução

Infestações parasitárias são entraves para a produção de bovinos de corte no mundo. Os parasitas são responsáveis por perdas produtivas, reprodutivas e econômicas nos sistemas de criação. A técnica convencional de controle dos parasitos é a aplicação de produtos químicos, que acarretam em aumentos nos custos de produção, podem deixar resíduos na carne (Spisso et al., 2009) e resultar na seleção de parasitas resistentes aos princípios ativos (Klafke et al., 2006; Jonsson e Hope, 2007; Knox et al., 2012). Neste contexto, justifica-se a utilização de métodos complementares de controle, como a seleção de animais resistentes aos parasitas.

As características de resistência podem ser mensuradas repetidas vezes durante a vida do animal, sendo denominados dados longitudinais. Tradicionalmente, tais características são avaliadas por modelos de repetibilidade (Mackinnon et al., 1999; Burrow, 2001; Fraga et al., 2003; Budeli et al., 2009; Morris & Amyes, 2012). Esses modelos assumem premissas não realistas, uma vez que consideram que medidas no mesmo indivíduo representam uma única característica, e que as correlações entre as diversas observações obtidas do mesmo animal são iguais a um. Modelos de regressão aleatória são adequados para avaliação de dados longitudinais (MRA) porque descrevem estruturas de covariâncias dos efeitos aleatórios de interesse ao longo do intervalo avaliado, fornecem estimativas dos parâmetros genéticos para cada idade e aumentam a acurácia da avaliação (Meyer, 2004 e 2005).

Dessa forma, objetivou-se identificar o modelo de regressão aleatória mais adequado para análise de dados de resistência a carrapatos, nematoides gastrointestinais e protozoários do gênero *Eimeria* em bovinos Nelore, bem como obter parâmetros genéticos para essas características, por meio de inferência bayesiana.

### 3.3. Material e Métodos

Todos os procedimentos experimentais utilizados neste trabalho foram aprovados pelo Comitê de Ética em Experimentação Animal da Universidade Federal de Minas Gerais (Protocolo nº 255/2010).

O experimento foi realizado na Fazenda Mundo Novo, localizada no município de Uberaba, Minas Gerais. As condições edafoclimáticas da propriedade são condizentes com regiões de cerrado, apresentando solos ácidos e pobres em nutrientes, pluviosidade média

anual de 1.400 mm, com maior concentração das chuvas nos meses de outubro à março, e temperaturas médias anuais altas, variando entre 5°C (mínima, inverno) à 39°C (máxima, verão). A área da fazenda é de 4.250 hectares, dos quais 2.800 hectares são destinados aos pastos e 1.450 hectares são áreas de reservas naturais. A área de pastagem estava dividida em piquetes de aproximadamente 30 hectares, nos quais foram mantidos lotes formados por 30 vacas com bezerro ao pé, ou lotes de manejo com 40 animais desmamados, com taxa de lotação de aproximadamente de 0,98 UA/ha. Os animais utilizados no experimento eram Nelores puro de origem (PO), registrados junto à Associação Brasileira de Criadores de Zebu. Eles foram provenientes de monta natural ou inseminação artificial. No primeiro caso, cada lote de fêmeas permaneceu com um touro por um período de 90 dias. Rufiões com buçal marcador foram utilizados para a identificação do cio. Os rufiões eram mestiços Nelore x Holandês, e permaneceram juntos às fêmeas durante cinco meses, de novembro a abril. As relações rufião:vaca foram de 1:50 para vacas solteiras e 1:25 para vacas paridas. A época de nascimento ocorre entre julho e dezembro de cada ano. Os animais foram criados a pasto com gramíneas do gênero *Brachiaria* com suplementação mineral durante todo o ano. A disponibilidade de água foi garantida por pequenas represas ou reservatórios naturais em cada piquete. As aplicações de vermífugos ocorreram ao nascimento e na desmama, e esporadicamente em alguns lotes mais acometidos por nematoides gastrointestinais. Nenhum produto carrapaticida ou anticoccidiano foi utilizado durante o experimento.

A coleta dos dados foi realizada entre abril de 2010 e junho de 2013. Foram efetuadas contagens de carrapatos em bovinos infestados naturalmente e coletadas amostras de fezes para contagens de ovos de nematoides gastrointestinais ou oocistos de *Eimeria* spp. por grama de fezes. As contagens de carrapatos foram realizadas de acordo com a técnica proposta por Wharthon & Utech (1970). As amostras de fezes foram extraídas diretamente do reto dos animais, com sacos plásticos devidamente identificados e lubrificados. O material foi transportado em caixas de isopor adequadamente resfriadas até o Laboratório de Parasitoses da Universidade Federal de Minas Gerais, onde os exames foram realizados segundo a técnica de MacMaster Modificada (Ueno & Gonçalves, 1998). Foram realizadas até três mensurações nas fêmeas aos 205, 365 e 550 dias e até seis medidas nos machos participantes de provas de ganho de peso com mensurações a cada 56 dias em média, depois da desmama. Após as contagens, os animais foram classificados como resistentes (contagens iguais a zero, escore = 1) ou susceptíveis (contagens superiores a zero, escore = 0) para cada parasito separadamente. Esse procedimento foi adotado em função das características de resistência a nematoides

gastrointestinais e *Eimeria* spp. serem variáveis instáveis e oscilarem muito de acordo com a consistência das fezes e da frequência de eliminação de ovos e oocistos na fezes. Além disso, a técnica de MacMaster Modificada apresenta alta sensibilidade e identifica melhor os animais com contagens maiores do que zero, respaldando a escolha dessa abordagem.

Os conjuntos de dados consideraram apenas registros das características de resistência dos 146 aos 597 dias de idade. Foram desconsideradas informações de animais com menos de duas observações, medidas cujo intervalo de utilização de qualquer produto anti-parasitário foi menor que 120 dias e grupos de contemporâneos com menos de quatro informações e três animais. Após as restrições, foram formados três bancos de dados, um para cada característica. A base de dados de resistência a carrapatos foi composta por 4.270 observações, provenientes de 1.188 animais, filhos de 968 vacas e 88 touros. As bases de dados de resistência aos nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp. foram compostas por 3.872 registros de 1.142 bezerros, filhos de 933 vacas e 88 touros. No total, 21%, 26%, 38%, 2% e 13% dos animais no banco de dados de carrapatos tinham duas, três, quatro, cinco e seis observações cada, respectivamente. Para o banco de dados de nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp., 26%, 30%, 31%, 5% e 8% dos animais possuíam duas, três, quatro, cinco e seis observações cada, respectivamente. A matriz de parentesco foi composta por 15.927 animais, sendo 5.327 vacas e 566 touros.

As características de resistência foram avaliadas por meio de modelos de regressão aleatória em análise uni e bicaracterísticas. As análises bicaracterísticas entre as características de resistência foram realizadas com os modelos de melhor ajuste definido pelo BIC (Bayesian Information Criterion) nas análises unicaracterísticas. Os modelos contemplaram os efeitos fixos da trajetória média da população e dos grupos de contemporâneos (ano e mês de nascimento, sexo e lote de manejo), e como efeitos aleatórios, o genético aditivo e de ambiente permanente direto e o resíduo. Para a modelagem da trajetória média e dos efeitos aleatórios foram considerados modelos unicaracterísticos com polinômios ortogonais de Legendre (linear ao quíntico) sobre a idade do bezerro no dia da coleta.

O modelo geral utilizado pode ser definido como:

$$y_{ijm} = gc_i + \sum_{l_1=1}^{k_b-1} f_{l_1} \phi_{l_1}(id_j^*) + \sum_{l_2=1}^{k_a-1} a_{ml_2} \phi_{l_2}(id_j^*) + \sum_{l_3=1}^{k_p-1} p_{ml_3} \phi_{l_3}(id_j^*) + e_{ijm}$$

em que:  $y_{ijm}$  = observação de resistência do animal  $m$  na idade  $j$  do grupo de contemporâneos  $i$ ;  $gc_i$  = grupo de contemporâneos  $i$ ;  $f_{l_1}$  = coeficientes de regressão para

descrever a trajetória média da população;  $\phi_l(id_j^*)$  = polinômios ortogonais de Legendre para as idades padronizadas de -1 a 1;  $a_{ml_2}$  e  $p_{ml_3}$  = coeficientes da regressão aleatória para os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente direto do animal  $m$ , respectivamente;  $k_b$ ,  $k_a$  e  $k_p$  = ordens dos polinômios de Legendre utilizados para modelar a trajetória média, e os efeitos aleatórios genético aditivo e de ambiente permanente direto, respectivamente;  $e_{ijm}$  = resíduo associado a cada observação.

Em notação matricial o modelo pode ser escrito da seguinte forma:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2p + e$$

em que:  $y$  = o vetor com as observações das características de resistência;  $b$  = o vetor com a solução dos efeitos fixos, incluindo a trajetória média da população;  $X$  = matriz de incidência dos efeitos fixos;  $Z_1$  e  $Z_2$  = matrizes de incidência dos efeitos aleatórios genético aditivo direto e ambiente permanente direto;  $a$  e  $p$  = vetores com as soluções dos efeitos aleatórios genético aditivo direto e de ambiente permanente direto, respectivamente;  $e$  = vetor aleatório dos resíduos associados a cada observação. Foram consideradas as seguintes pressuposições associadas aos efeitos aleatórios:

$$Var \begin{bmatrix} a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} K_a \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & K_p \otimes I_p & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_e^2 I_n \end{bmatrix};$$

em que:  $K_a$  = matriz de covariância dos coeficientes de regressão para o efeito aleatório genético aditivo direto;  $A$  = matriz com os coeficientes de parentesco de Wright;  $K_p$  = matriz de covariância dos coeficientes de regressão para o efeito aleatório de ambiente permanente individual;  $I_p$  = matriz identidade de ordem igual ao número de animais com dados;  $\sigma_e^2$  = variância residual;  $I_n$  = matriz identidade de ordem igual ao número de observações; e  $\otimes$  = produto direto entre as matrizes.

As distribuições *a priori* de modelos de regressão aleatórias com variáveis categóricas foram definidas de acordo com Tsuruta et al. (2009) e os parâmetros desconhecidos do modelo seguiram as seguintes distribuições *a priori*:

Distribuições uniformes para todos os efeitos fixos dos modelos;

$a | K_a \sim NMV(0, G)$ , com  $G = K_a \otimes A$ , em que  $K_a$  é a matriz que contém as covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios para os efeitos genéticos aditivos diretos, e  $A$  é a matriz com os coeficientes de parentesco de Wright;

$p | K_p \sim NMV(0, P)$ , com  $P = K_p \otimes I_p$ , em que  $K_p$  é a matriz que contém as covariâncias entre os coeficientes de regressão do efeito de ambiente permanente direto, e  $I_p$  é uma matriz identidade; e

$K_a | v_a, S_a^2 \sim W^{-1}(v_a, v_a S_a^2)$ ,  $K_p | v_p, S_p^2 \sim W^{-1}(v_p, v_p S_p^2)$  e  $\sigma_e^2 | v_e, S_e^2 \sim W^{-1}(v_e, v_e S_e^2)$  em que  $v_a$ ,  $S_a^2$ ,  $v_p$ ,  $S_p^2$ , e  $v_e$ ,  $S_e^2$ , representam os graus de confiança e os valores *a priori* para as covariâncias dos coeficientes de regressão dos efeitos genéticos aditivos diretos, de ambiente permanente direto e o resíduo, respectivamente.

Os termos *NMV* e  $W^{-1}$  correspondem às distribuições normal multivariada e Wishart invertida. A variância residual foi considerada homogênea com valor igual à unidade para todas as análises genéticas.

As amostras das distribuições condicionais completas foram obtidas por meio do amostrador de Gibbs utilizando o programa THRGIBBS1F90 (Tsuruta & Misztal, 2006). Foram consideradas cadeias com 410.000 ciclos, descarte inicial de 10.000 amostras, e intervalo de amostragem de 200 ciclos. O tamanho da cadeia foi definido em análises preliminares de acordo com o método de Raftery & Lewis (1992), disponíveis no pacote BOA (Smith, 2005), do programa R (The R Foundation for Statistical Computing, 2009). A convergência das cadeias definitivas foi avaliada por meio do critério proposto por Geweke (1992) disponível no mesmo programa e por inspeção visual dos valores amostrados.

Os diferentes modelos de regressão aleatória foram nomeados da seguinte forma:  $CARAC_{k_b k_a k_p r}$ , em que  $CARAC$  = a característica estudada (resistência a carrapatos, nematoides gastrointestinais ou *Eimeria* spp.);  $k_b$ ,  $k_a$  e  $k_p$  = número de coeficientes de regressão (incluindo o intercepto) da trajetória média, do efeito genético aditivo direto e de ambiente permanente direto, respectivamente e  $r$  = variância residual.

A comparação dos modelos iniciou-se com o modelo mais parametrizado com ajuste de polinômios de Legendre do quinto grau para todos os efeitos aleatórios. Inicialmente, foram comparados os modelos com diferenças nas ordens (linear ao quinto grau) do polinômio de Legendre associado com a trajetória média, mantendo-se as ordens dos polinômios de Legendre associados com os efeitos genético aditivo e de ambiente permanente

direto constantes (quinto grau). As comparações dos modelos foram realizadas com base no BIC (Bayesian information criterion) e na inspeção dos componentes de covariância. Após a escolha da ordem do polinômio para esse efeito, o mesmo procedimento foi repetido para ajustar os efeitos aditivo e de ambiente permanente direto.

O BIC (Schwarz, 1978) foi obtido por meio da equação:

$$BIC = \bar{D}(\theta) + par[\log(n)],$$

em que:  $\bar{D}(\theta) = E_{\theta|y}[D(\theta)]$ , representa a esperança *a posteriori* dos desvios bayesianos, *par* é o número de parâmetros aleatórios do modelo e  $\log(n)$  é o logaritmo natural do número de observações. Menores valores de BIC indicam modelos de melhor ajuste com menor grau de complexidade.

Adicionalmente, foram obtidas as respostas a seleção direta de acordo com os componentes de (co)variância. A intensidade de seleção (*i*) considerada foi de 2,27 (3% de animais selecionados) para os machos e de 0,80 (50% de animais selecionados) para fêmeas, o que resultou em uma intensidade de seleção média de 1,535. As respostas diretas à seleção foram calculadas por meio da equação:

$$\Delta G = ih^2\sigma_f,$$

em que:  $\Delta G$  = representa o ganho genético esperado por geração; *i* = intensidade de seleção;  $h^2$  = herdabilidade da característica;  $\sigma_f$  = desvio padrão fenotípico para a característica.

### 3.4. Resultados e Discussão

A maior concentração das observações ocorreu em torno de 205, 365, 450 e 550 dias de idade, com menores concentrações nos extremos do intervalo (Figura 3.1) porque as coletas de dados ocorrem quando as médias de idade dos animais do mesmo lote estão próximas das idades consideradas padrões para raças zebuínas.

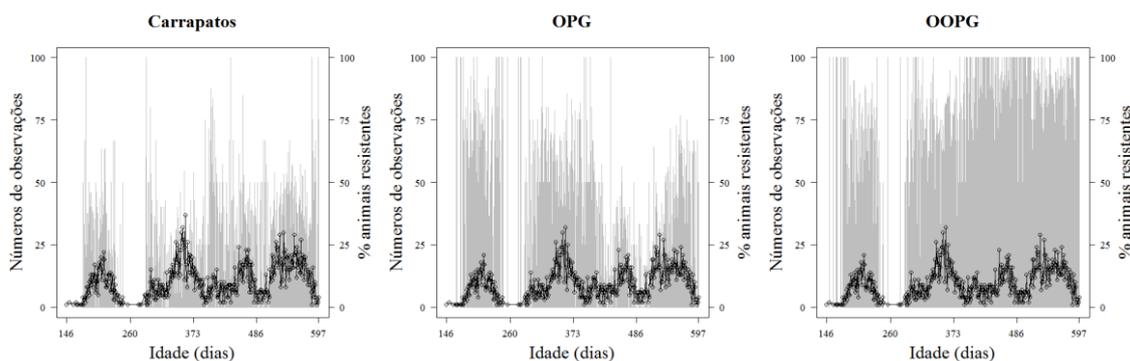


Figura 3.1. Número de observações (linhas e pontos negros) e porcentagem de animais resistentes (barras cinzas) para as características de resistência a carrapatos, nematoides gastrointestinais (OPG) e *Eimeria* spp. (OOPG).

A porcentagem de animais resistentes a carrapatos e nematoides gastrointestinais variou ao longo do intervalo. Esse comportamento pode ser atribuído à época de nascimento que tem duração de seis meses. Essa diferença permite que animais de mesma idade sejam avaliados em diferentes datas de coletas, e conseqüentemente em diferentes estações climáticas o que justifica ausência de um padrão de infestação desses parasitos. No caso da resistência a *Eimeria* spp., porcentagens iguais a 100% foram obtidas na maioria das idades (Figura 3.1). De acordo com Taylor & Catchpole (1994), as infecções clínicas por protozoários do gênero *Eimeria* tem maior prevalência em animais jovens, e acomete principalmente bovinos com três semanas a seis meses de idade. O aspecto epidemiológico da doença pode ter contribuído para a infecção dos animais antes do intervalo avaliado, e estes adquiriram imunidade específica para as principais espécies de *Eimeria* prevalentes na fazenda. Este fato pode ter aumentado à porcentagem de animais resistentes ao longo do intervalo. A taxa de lotação baixa (0,98 UA/ha) e a formação de lotes de manejo com animais da mesma faixa etária, também pode ter contribuído para menor infestação dos animais por *Eimeria* spp., e conseqüentemente na maior porcentagem de animais resistentes.

As contagens de carrapatos exibiram os maiores valores de média e mediana dos 146 aos 274 com 10,09 e 4 fêmeas ingurgitadas por animal, respectivamente (Figura 3.2). Segundo Gonzales (2003), a contagem de carrapatos pode sugerir o grau de infestação dos animais, em que 1 a 5 indica infestação leve, 5 a 20 infestação moderada, 20 a 50 infestação alta e acima de 50 infestação muito alta. Os resultados indicaram infestações de carrapatos de leve a moderada no rebanho avaliado, dos 146 aos 597 dias. As contagens de ovos por gramas de fezes apresentaram os maiores valores de média e mediana dos 452 aos 597 dias,

correspondentes a 497,5 e 300 ovos por gramas de fezes (Figura 3.2). De acordo com Ueno & Gonçalves (1998), contagens de ovos por gramas de fezes em infecções mistas de até 200 ovos indicam infestações leves, de 200 a 700 ovos indicam infestações moderadas, e acima de 700 representam infestações graves. De modo geral, a infestação por nematoides gastrointestinais na propriedade pode ser considerada moderada dos 398 aos 451 dias, e leve nas demais classes de idade. As contagens de oocistos por gramas de fezes foram baixas com mediana igual à zero para todos os intervalos de idade, e o maior valor de média foi de 169,9 oocistos por gramas de fezes dos 146 aos 274 dias (Figura 3.2). Em geral, os resultados das contagens de carrapatos, ovos e oocistos por gramas de fezes podem sugerir que os animais da propriedade são pouco desafiados em relação a esses parasitos.

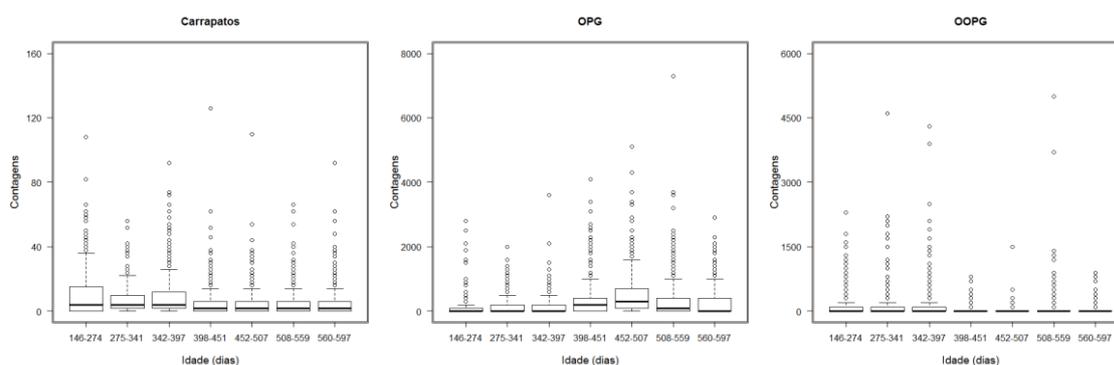


Figura 3.2. Gráficos de Box-Plot para as sete classes de idade das contagens de carrapatos, ovos por gramas de fezes e oocistos por gramas de fezes em uma população de bovinos Nelore.

Em geral, os valores do BIC foram menores nos modelos com menor número de parâmetros, para todas as características (Tabela 3.1). Esse resultado é consequência da penalidade que o critério impõe sobre modelos mais parametrizados, e indica que o melhor ajuste foi associado a menor grau de complexidade. Para a modelagem da trajetória média, os valores de BIC indicaram polinômios lineares como os mais adequados para a resistência a carrapatos e nematoides gastrointestinais, e um polinômio cúbico para resistência a *Eimeria* spp. Polinômios lineares foram suficientes para modelagem dos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente direto para todas as características, de acordo com o BIC. Arango et al. (2004), analisando dados de peso de vacas até a idade adulta, concluíram que a estrutura de covariância do efeito de ambiente permanente é muito complexa e requer polinômios de Legendre de ordem elevadas para um ajuste adequado. Contudo, os resultados do presente

trabalho não corroboram com aquela hipótese, provavelmente porque as características são diferentes e o intervalo estudado no presente trabalho foram menores.

Tabela 3.1. Número de coeficientes de regressão dos polinômios de Legendre para a trajetória média ( $k_b$ ), efeito genético aditivo direto ( $k_a$ ), de ambiente permanente ( $k_p$ ), número de parâmetros do modelo ( $p$ ), e Bayesian Information Criterion (BIC) para os modelos de regressão aleatória utilizados nas análises para a resistência a carrapatos ( $BIC_{CAR}$ ), nematoides gastrointestinais ( $BIC_{OPG}$ ) e *Eimeria* spp. ( $BIC_{OOPG}$ ) em bovinos Nelore.

Modelo	$k_b$	$k_a$	$k_p$	$P$	$BIC_{CAR}$	$BIC_{OPG}$	$BIC_{OOPG}$
LEG <sub>666</sub>	6	6	6	43	12.525,0749	12.525,0749	11.366,4736
LEG <sub>566</sub>	5	6	6	43	12.532,0115	11.411,2190	11.367,7348
LEG <sub>466</sub>	4	6	6	43	12.528,4310	11.399,2997	11.360,7410
LEG <sub>366</sub>	3	6	6	43	12.526,2066	11.402,2995	11.366,4362
LEG <sub>266</sub>	2	6	6	43	12.525,0584	11.391,7914	11.361,2115
LEG <sub>256</sub>	2	5	6	37	12.465,6218	11.340,1898	-
LEG <sub>246</sub>	2	4	6	32	12.425,1444	11.297,9639	-
LEG <sub>236</sub>	2	3	6	28	12.392,8724	11.253,4180	-
LEG <sub>226</sub>	2	2	6	25	12.366,4676	11.224,8280	-
LEG <sub>456</sub>	4	5	6	37	-	-	11.316,4907
LEG <sub>446</sub>	4	4	6	32	-	-	11.274,9411
LEG <sub>436</sub>	4	3	6	28	-	-	11.240,1859
LEG <sub>426</sub>	4	2	6	25	-	-	11.217,5426
LEG <sub>225</sub>	2	2	5	19	12.320,4549	11.189,3947	-
LEG <sub>224</sub>	2	2	4	14	12.291,1029	11.198,2896	-
LEG <sub>223</sub>	2	2	3	10	12.254,4131	11.175,1116	-
LEG <sub>222</sub>	2	2	2	7	12.232,1101	11.161,0649	-
LEG <sub>425</sub>	4	2	5	19	-	-	11.167,6974
LEG <sub>424</sub>	4	2	4	14	-	-	11.129,7469
LEG <sub>423</sub>	4	2	3	10	-	-	11.106,5271

LEG = Polinômios de Legendre

Após a seleção sequencial dos efeitos, o BIC indicou os modelos  $CAR_{2221}$ ,  $OPG_{2221}$  e  $OOPG_{4221}$ , como os mais adequados para descreverem as mudanças dos componentes de covariâncias dos efeitos aleatórios ao longo do intervalo (Tabela 3.1). As maiores variâncias estiveram associadas aos coeficientes lineares utilizados para modelar os efeitos genético

aditivo direto e de ambiente permanente (Tabela 3.2). As covariâncias e correlações do intercepto com o coeficiente linear foram negativas para todas as características. Esse comportamento não foi observado por Silva et al. (2011), que avaliaram modelos de regressão aleatória para contagens de ovos por gramas de fezes em bovinos da raça Angus. Os mesmos autores estimaram maiores valores de variância para o intercepto das matrizes de covariância aditiva direta e de ambiente permanente, e também covariâncias e correlações positivas entre o intercepto e o coeficiente linear das mesmas matrizes. Parte dessa discrepância pode ser explicada por diferenças na forma de estudo da resistência. Os autores citados trabalharam com as contagens de ovos por grama de fezes, e com polinômios de Legendre cúbicos para ajuste da trajetória média, e dos efeitos aditivo direto e de ambiente permanente.

Tabela 3.2. Médias *a posteriori* das variâncias (diagonal), covariâncias (abaixo da diagonal), e correlações (acima da diagonal) entre os coeficientes de regressão e os autovalores ( $\lambda$ ) das matrizes de covariâncias dos modelos  $CAR_{2221}$ ,  $OPG_{2221}$  e  $OOPG_{4221}$ , para os efeitos genético aditivo direto e de ambiente permanente direto.

$CAR_{2221}$				
Efeitos	Ordem	0	1	$\lambda$
Aditivo direto	0	0,2007	-0,1586	0,3764
	1	-0,0430	0,3660	0,1902
Ambiente Permanente	0	0,3610	-0,4829	0,5736
	1	-0,1940	0,4471	0,2346
$OPG_{2221}$				
Efeitos	Ordem	0	1	$\lambda$
Aditivo direto	0	0,2098	-0,5112	0,3670
	1	-0,1221	0,2720	0,1149
Ambiente Permanente	0	0,3529	-0,5142	0,6872
	1	-0,2239	0,5373	0,2030
$OOPG_{4221}$				
Efeitos	Ordem	0	1	$\lambda$
Aditivo direto	0	0,1112	-0,0980	0,5085
	1	-0,0234	0,5072	0,1098
Ambiente Permanente	0	0,2406	-0,4401	1,0758
	1	-0,2179	1,0180	0,1837

Os autovalores das matrizes de covariância dos coeficientes de regressão foram pequenos para todas as características, com valores próximos à zero para o intercepto e o coeficiente linear (Tabela 3.2). Em geral, os autovalores referentes ao intercepto foram maiores, sendo responsáveis por explicar 66%, 76%, e 82% da variância aditiva direta e 71%, 77% e 85% da variância de ambiente permanente para a resistência a carrapatos, nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp., respectivamente.

As médias *a posteriori* das variâncias genética aditiva, de ambiente permanente direto e fenotípica das análises uni e bicaracterísticas foram semelhantes para todas as características (Figura 3.3, 3.4 e 3.5). Em geral, as variâncias descreveram curvas com maiores valores nos extremos do intervalo. Essa tendência também foi observada por Meyer (1999), ao avaliar medidas de peso em fêmeas da raça Polled Hereford e mestiças, dos dois aos dez anos de idade. De acordo com a autora, os maiores valores de variância nos extremos do intervalo devem-se em parte ao menor número de observações nessas regiões e pela variação na amostragem da partição da variância total. O menor número de observações nos extremos do intervalo foi observado para cada característica (Figura 3.1) e pode ter contribuído para a ocorrência deste tipo de comportamento.

Os intervalos de alta densidade com 95% das amostras (IAD95%) obtidos nas análises uni e bicaracterísticas comportaram-se de modo semelhante para todos os efeitos e características (Figuras 3.3, 3.4 e 3.5). As amplitudes do IAD95% foram menores nas idades intermediárias do que nos extremos do intervalo. Esse aspecto sugere que os valores de variância são obtidos com maior acurácia nessas regiões do que no início e ao final do período. O maior número de observações nas idades intermediárias do intervalo (Figura 3.1) pode explicar essas diferenças. As análises bicaracterísticas para a resistência a carrapatos exibiram menores amplitudes do IAD95% durante todo intervalo, em comparação às análises unicaracterísticas. O aumento na quantidade de informação nas análises bicaracterísticas pode ter contribuído para os menores valores do IAD95% e na melhoria da acurácia para obtenção desses parâmetros. Contudo, esta tendência não foi observada para as análises bicaracterísticas para a resistência a nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp.

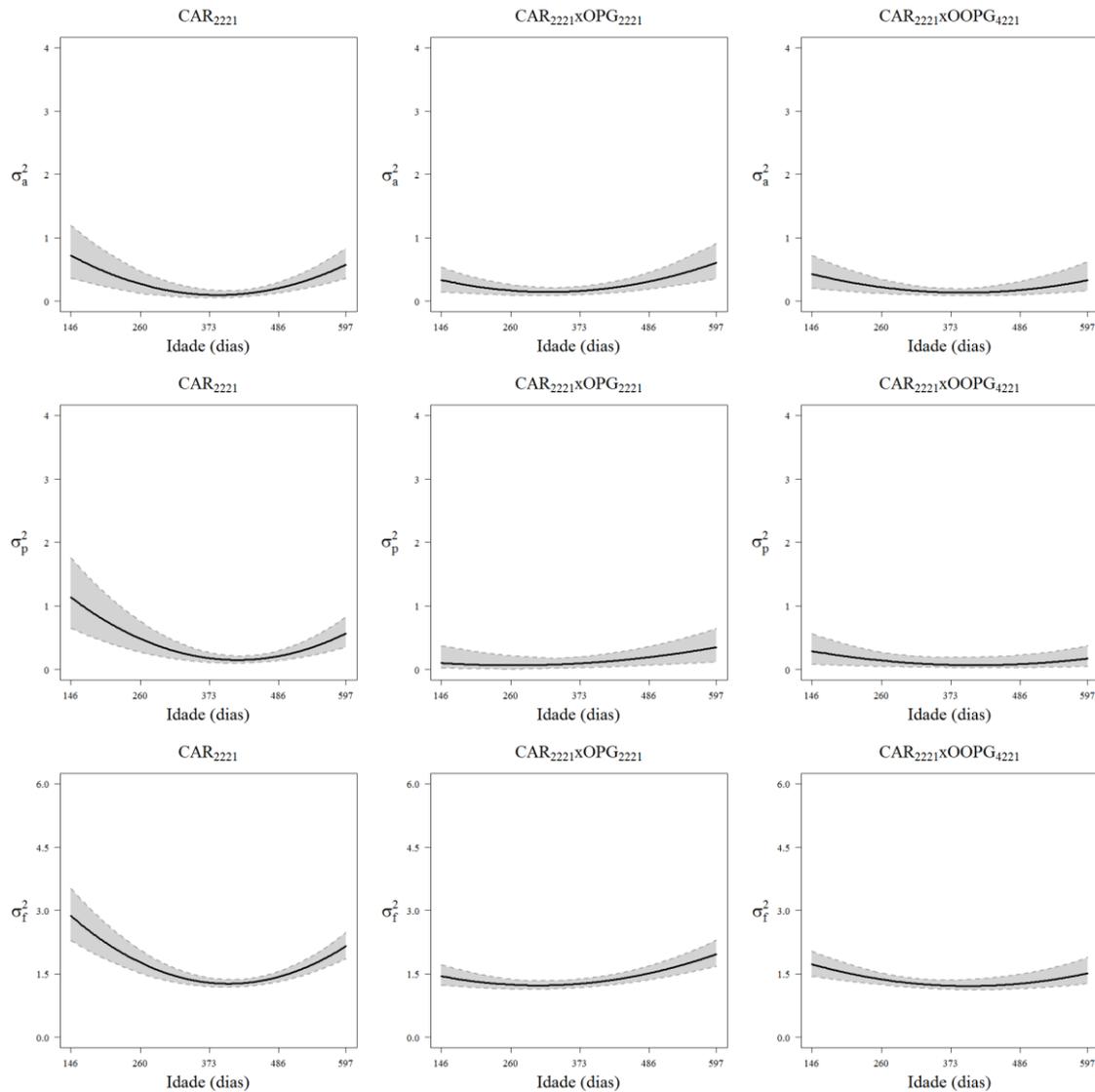


Figura 3.3. Médias *a posteriori* e intervalos de alta densidade (95%) das variâncias dos efeitos genético aditivo direto ( $\sigma_a^2$ ), de ambiente permanente direto ( $\sigma_p^2$ ) e fenotípica ( $\sigma_f^2$ ), da resistência aos carrapatos em bovinos Nelore obtidas por meio dos modelos  $CAR_{2221}$ ,  $CAR_{2221} \times OPG_{2221}$  e  $CAR_{2221} \times OOPG_{4221}$ .

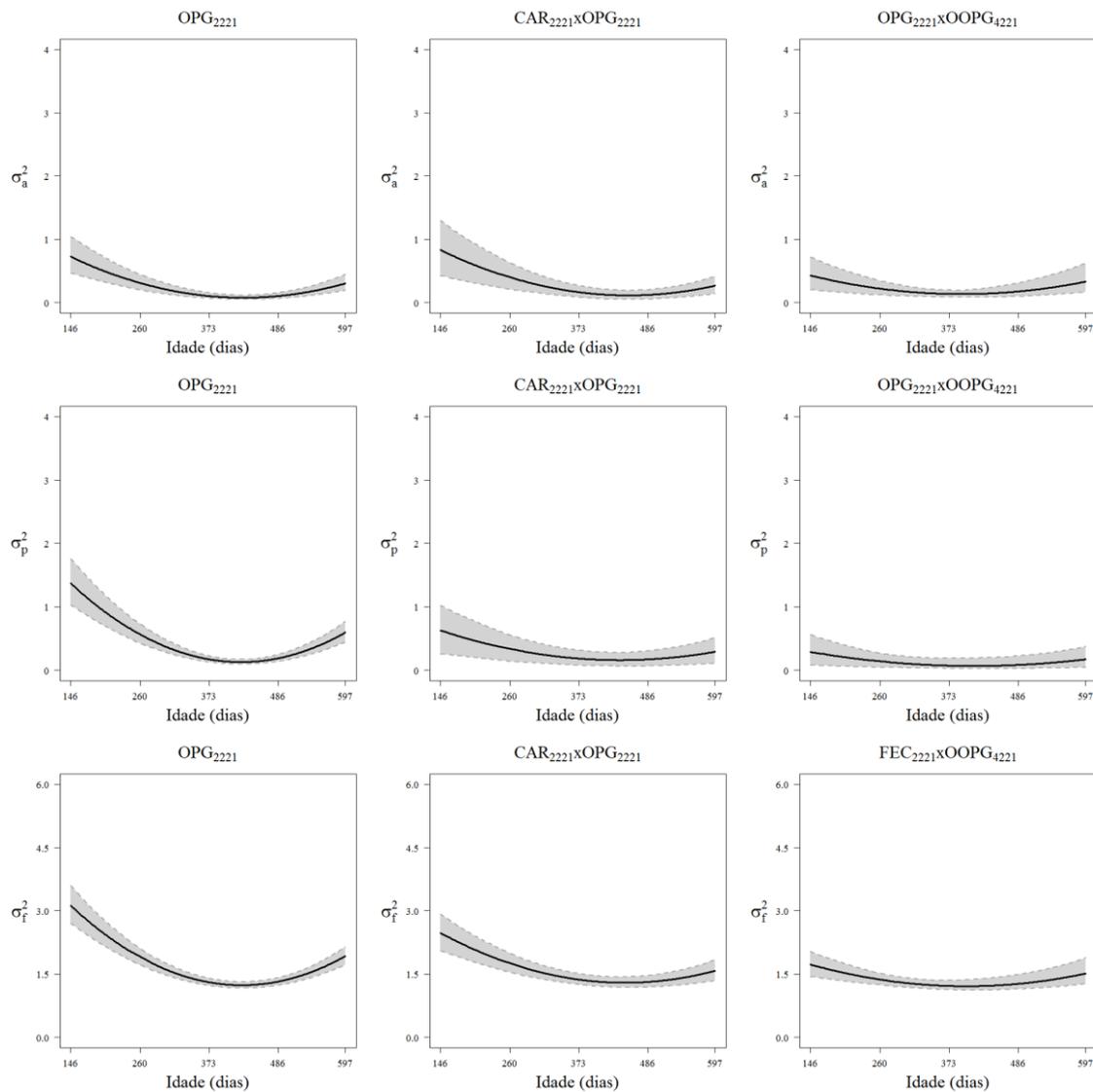


Figura 3.4. Médias *a posteriori* e intervalos de alta densidade (95%) das variâncias dos efeitos genético aditivo direto ( $\sigma_a^2$ ), de ambiente permanente direto ( $\sigma_p^2$ ) e fenotípica ( $\sigma_f^2$ ) para a resistência a nematoides gastrointestinais em bovinos Nelore obtidas por meio dos modelos  $OPG_{2221}$ ,  $CAR_{2221} \times OPG_{2221}$  e  $OPG_{2221} \times OOPG_{4221}$ .

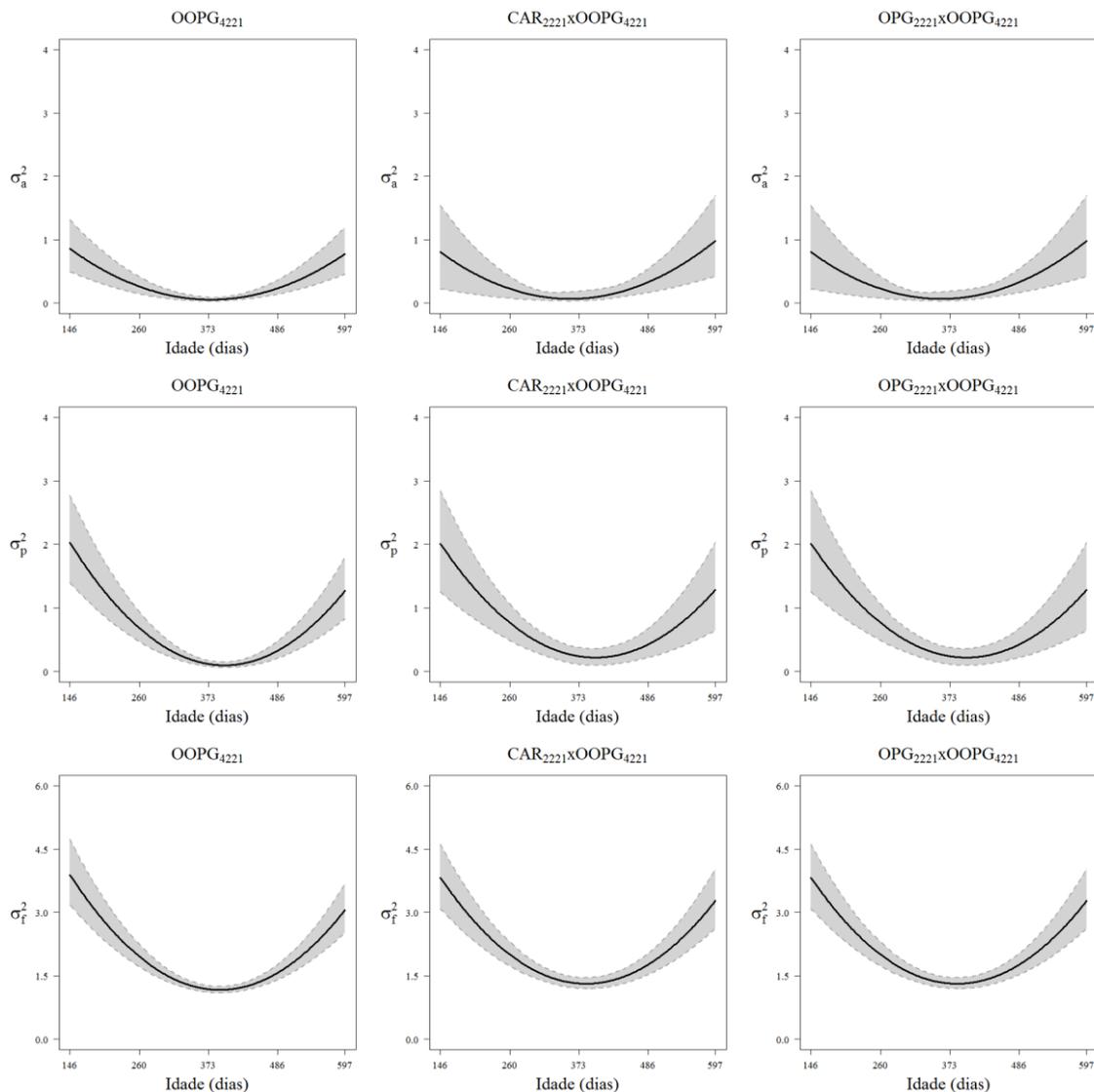


Figura 3.5. Médias *a posteriori* e intervalos de alta densidade (95%) de variâncias dos efeitos genético aditivo direto ( $\sigma_a^2$ ), de ambiente permanente direto ( $\sigma_p^2$ ) e fenotípica ( $\sigma_f^2$ ) para a resistência a *Eimeria* spp. em bovinos Nelore obtidas por meio dos modelos  $OOPG_{4221}$ ,  $CAR_{2221} \times OOPG_{4221}$  e  $OPG_{2221} \times OOPG_{4221}$ .

As médias *a posteriori* da herdabilidade direta, da variância do efeito de ambiente permanente medida como proporção da variância fenotípica e as respostas à seleção obtidas a partir dos resultados das análises uni e bicaracterísticas apresentaram comportamentos similares às variâncias dos efeitos aleatórios para todas as características, com maiores valores nos extremos do intervalo (Figuras 3.6, 3.7 e 3.8). Esses comportamentos podem ser justificados pelo fato das variâncias dos efeitos aleatórios serem consideradas nos cálculos desses componentes.

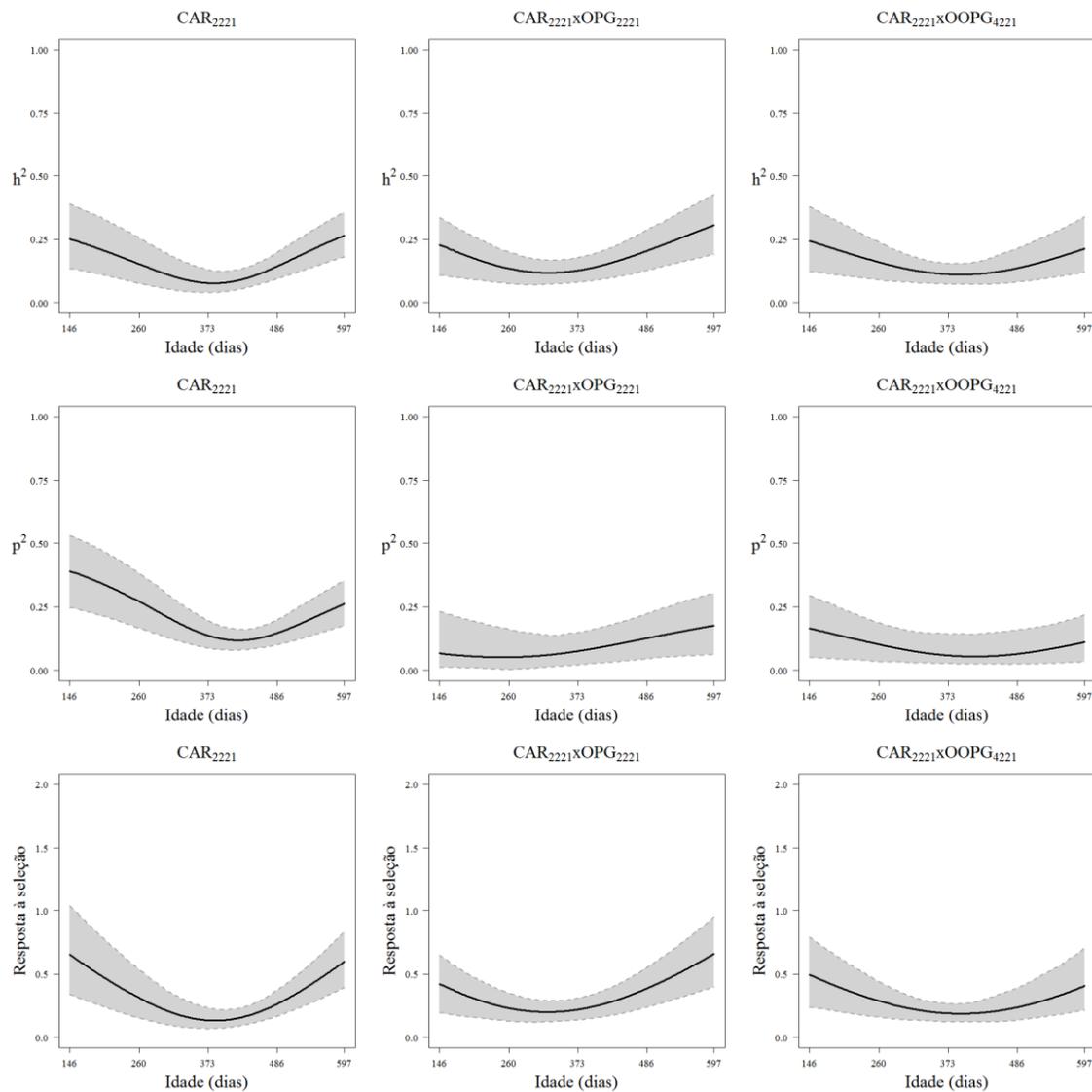


Figura 3.6. Médias *a posteriori* e intervalos de alta densidade (95%) de herdabilidade ( $h^2$ ), da variância de ambiente permanente medida como proporção da variância fenotípica ( $p^2$ ) e da resposta à seleção, para resistência a carrapatos em bovinos Nelore obtidas por meio dos modelos  $CAR_{2221}$ ,  $CAR_{2221} \times OPG_{2221}$  e  $CAR_{2221} \times OOPG_{4221}$ .

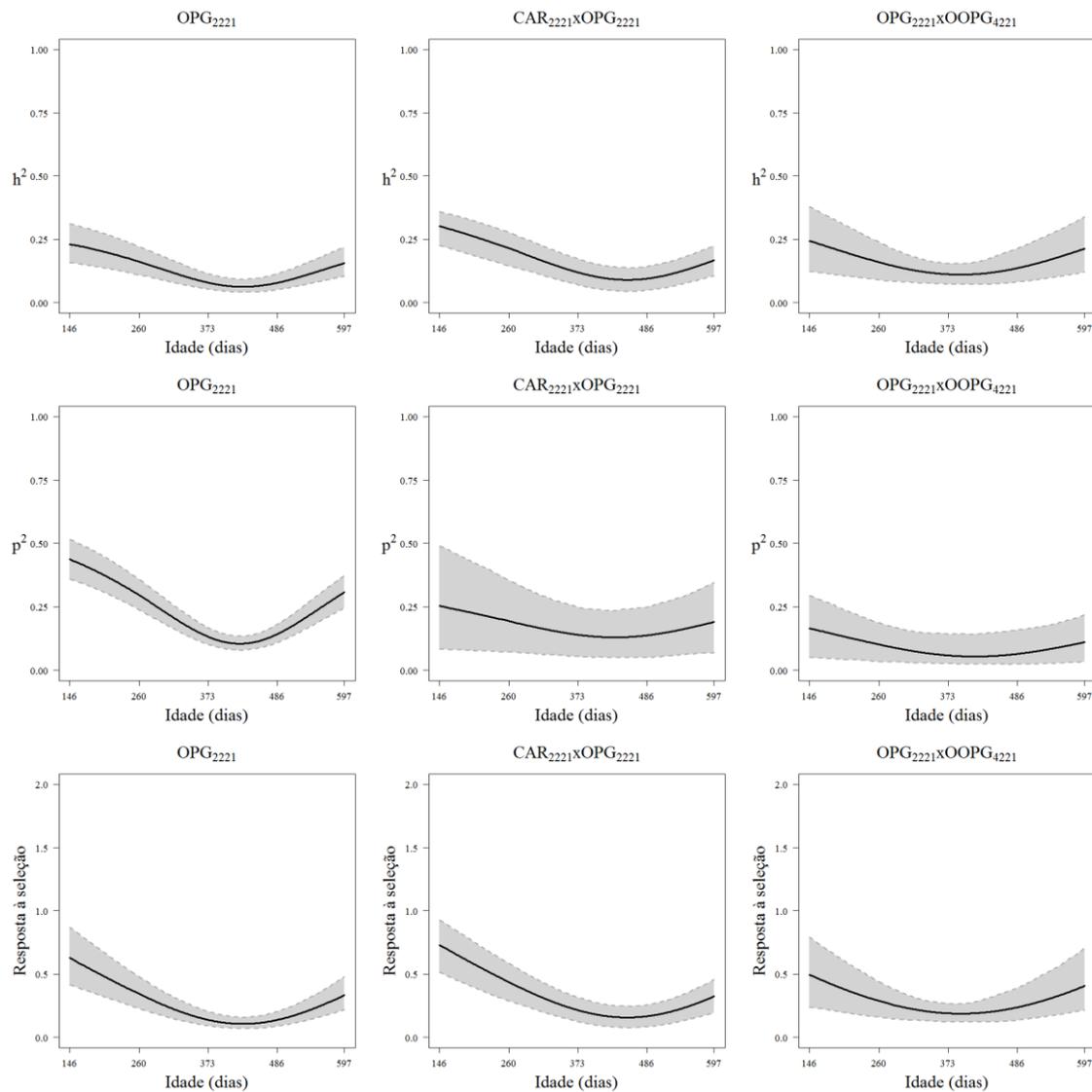


Figura 3.7. Médias *a posteriori* e intervalos de alta densidade (95%) de herdabilidade ( $h^2$ ), da variância de ambiente permanente medida como proporção da variância fenotípica ( $p^2$ ) e da resposta à seleção, para resistência a nematoides gastrointestinais em bovinos Nelore obtidas por meio dos modelos  $OPG_{2221}$ ,  $CAR_{2221} \times OPG_{2221}$  e  $OPG_{2221} \times OOPG_{4221}$ .

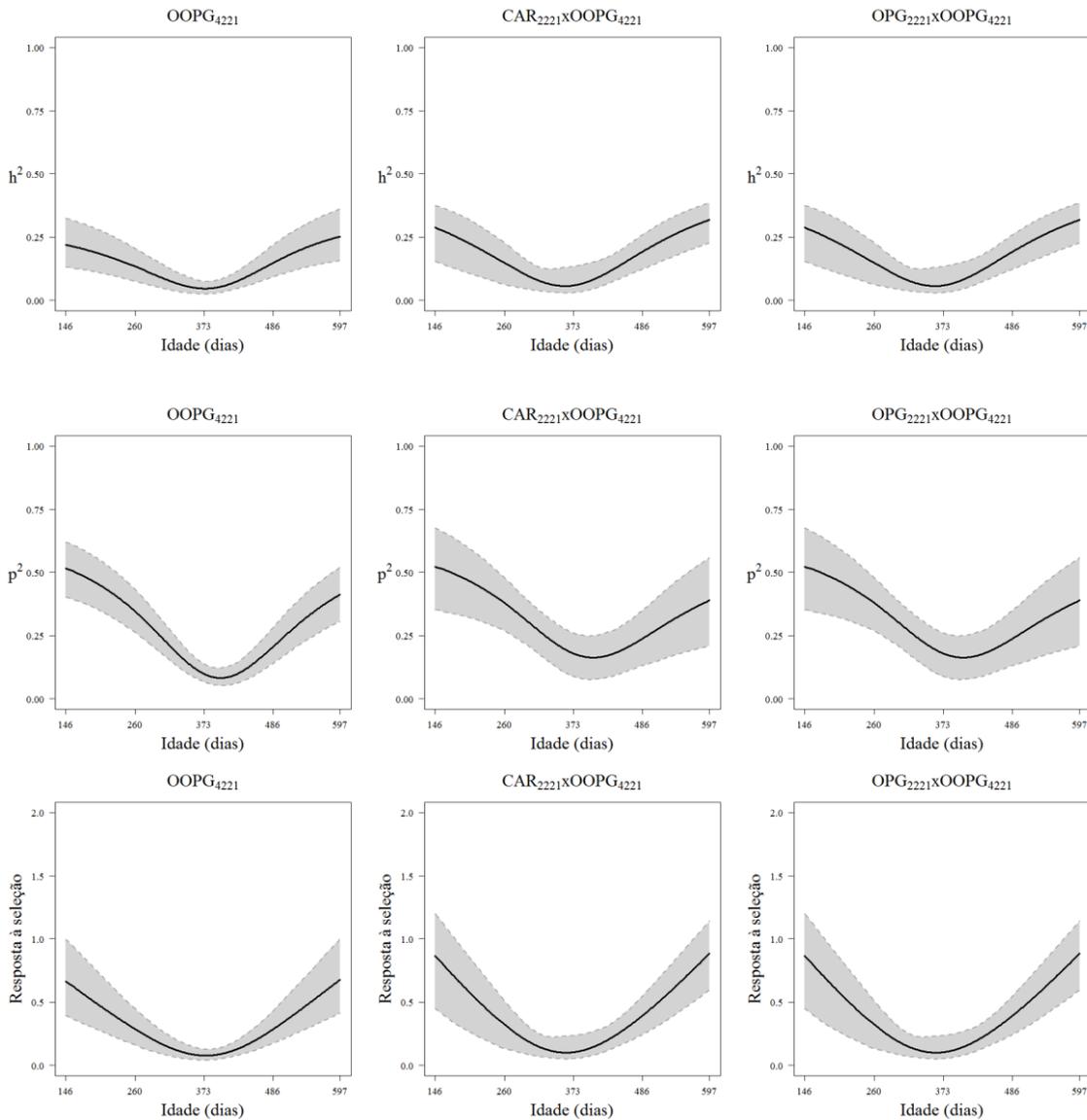


Figura 3.8. Médias *a posteriori* e intervalos de alta densidade (95%) de herdabilidade ( $h^2$ ), da variância de ambiente permanente medida como proporção da variância fenotípica ( $p^2$ ) e da resposta à seleção, para resistência a *Eimeria* spp. em bovinos Nelore obtidas por meio dos modelos  $OOPG_{4221}$ ,  $CAR_{2221} \times OOPG_{4221}$  e  $OPG_{2221} \times OOPG_{4221}$ .

Em geral, a herdabilidade foi de baixa a alta magnitude para todos os modelos e características. Apesar da raça Nelore ser considerada resistente aos parasitos estudados (Ibelli et al., 2011), os resultados indicaram que existe variabilidade genética aditiva suficiente para promover mudanças genéticas e fenotípicas na raça ao longo dos anos por meio da seleção. As respostas à seleção sugerem que é possível aumentar a frequência de animais resistentes a carrapatos, nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp. em todas as idades a cada geração. Além disso, as avaliações genéticas para resistência permite identificar

os animais geneticamente resistentes, que são mais aptos para debelar os parasitos, e também eliminam menor quantidade de ovos (Bishop, 2012) e oocistos nas fezes, o que reduz a contaminação das pastagens e a exposição dos animais a estes parasitos. Os valores de herdabilidade e as repostas à seleção respaldam a inclusão das características de resistência em programas de melhoramento animal da raça Nelore.

As médias *a posteriori* para a herdabilidade da característica de resistência a carrapatos apresentaram amplitudes de 0,07 a 0,26; 0,11 a 0,30 e 0,11 a 0,24, de acordo com os modelos  $CAR_{2221}$ ,  $CAR_{2221} \times OPG_{2221}$  e  $CAR_{2221} \times OOPG_{4221}$ , respectivamente. Os resultados do estudo corroboram com os obtidos por Fraga et al. (2003), que utilizaram modelos de repetibilidade para avaliação genética de fêmeas da raça Caracu e obtiveram herdabilidade direta de 0,22 para contagem de carrapatos. Esses autores concluíram que existe variabilidade genética suficiente, e progressos genéticos podem ser obtidos por meio da seleção. Resultados similares foram obtidos por Carrera (2013) em bovinos Nelore, com valores de herdabilidade direta de 0,16 aos 205 dias e 0,32 aos 550 dias. O autor trabalhou com análises multicaracterísticas da probabilidade dos animais serem resistentes a carrapatos aos 205 e 550 dias, e também concluiu que é possível aumentar a frequência de animais resistentes nessas idades. Contudo, as médias *a posteriori* do presente estudo foram inferiores a estimativa de 0,42 obtidas por Burrow (2001), para contagem de carrapatos em bezerros da raça Belmont Red do nascimento aos 18 meses de idade.

As médias *a posteriori* da herdabilidade para resistência aos nematoides gastrointestinais apresentaram amplitude de 0,06 a 0,23; 0,08 a 0,33 e 0,02 a 0,34 de acordo com os modelos  $OPG_{2221}$ ,  $CAR_{2221} \times OPG_{2221}$  e  $OPG_{2221} \times OOPG_{4221}$ , respectivamente. Valores de herdabilidade de baixa a alta magnitude também foram descritos por Zinsstag et al. (2000), Burrow (2001), Morris & Amyes (2012) e Carrera (2013). Considerando o IAD95% é possível obter valores de herdabilidade iguais ou superiores a 0,3 a 0,4, como preconizado por Sonstegard & Gasbarre (2001). Esses autores enfatizam que valores de herdabilidade dessa magnitude indicam a possibilidade de obtenção de ganhos genéticos expressivos por meio da seleção, respaldando a utilização da seleção para resistência aos nematoides gastrointestinais em algumas idades para a população avaliada.

As médias *a posteriori* da herdabilidade para resistência a *Eimeria* spp. exibiram amplitude de 0,04 a 0,25; 0,04 a 0,30 e 0,05 a 0,39 com a utilização dos modelos  $OOPG_{4221}$ ,  $CAR_{2221} \times OOPG_{4221}$  e  $OPG_{2221} \times OOPG_{4221}$ , respectivamente. Carrera (2013) encontrou valores de herdabilidade em análises unicaracterística de 0,23 aos 205 dias e de 0,56 aos 550 dias, em

bovinos Nelore, sendo que o resultado obtido para resistência a *Eimeria* spp. aos 550 dias foi superior aos obtidos no presente estudo. Essa diferença pode ser explicada pelas diferenças nos números de animais avaliados e nos modelos considerados (unicaracterística x regressão aleatória).

As médias *a posteriori* das correlações dos efeitos genético aditivo direto e de ambiente (ambiente permanente mais o resíduo) entre as idades 205, 365, 450 e 550 dias da mesma característica, obtidas nas análises uni e bicaracterísticas foram similares para todas as características (Tabelas 3.3, 3.4 e 3.5). Em geral, as correlações variaram de baixa a alta magnitude, com valores e IAD95% positivos em idades adjacentes e valores negativos nas idades mais distantes, sendo os IAD95% negativos ou contendo o zero.

Tabela 3.3. Médias *a posteriori* e intervalo de alta densidade (95%) das correlações genéticas (acima da diagonal) e de ambiente (abaixo da diagonal) de resistência a carrapatos em bovinos Nelore entre as idades 205, 365, 450 e 550, obtidas por meio dos modelos  $CAR_{2221}$ ,  $CAR_{2221} \times OPG_{2221}$  e  $CAR_{2221} \times OOPG_{4221}$ .

		$CAR_{2221}$			
		205	365	450	550
205			0,62 (0,34 a 0,83)	-0,12 (-0,47 a 0,27)	-0,53 (-0,76 a -0,25)
365	0,20 (0,12 a 0,30)			0,68 (0,47 a 0,84)	0,30 (-0,02 a 0,61)
450	0,04 (-0,02 a 0,11)	0,10 (0,06 a 0,15)			0,90 (0,80 a 0,96)
550	-0,13 (-0,23 a -0,04)	0,04 (-0,01 a 0,09)	0,15 (0,10 a 0,22)		
		$CAR_{2221} \times OPG_{2221}$			
		205	365	450	550
205			0,81 (0,56 a 0,97)	0,43 (0,01 a 0,86)	-0,04 (-0,41 a 0,40)
365	0,14 (0,03 a 0,27)			0,87 (0,76 a 0,96)	0,51 (0,20 a 0,77)
450	-0,01 (-0,09 a 0,11)	0,04 (-0,01 a 0,10)			0,86 (0,71 a 0,95)
550	-0,16 (-0,29 a -0,03)	-0,01 (-0,07 a 0,05)	0,09 (0,00 a 0,17)		
		$CAR_{2221} \times OOPG_{4221}$			
		205	365	450	550
205			0,62 (0,30 a 0,97)	0,34 (-0,13 a 0,92)	0,13 (-0,39 a 0,87)
365	0,17 (0,10 a 0,27)			0,94 (0,84 a 1,00)	0,83 (0,52 a 0,98)
450	-0,02 (-0,07 a 0,11)	0,00 (-0,02 a 0,08)			0,96 (0,87 a 1,00)
550	-0,24 (-0,35 a -0,06)	-0,08 (-0,17 a -0,01)	0,03 (-0,01 a 0,06)		

Os resultados das correlações genéticas sugerem que a seleção para resistência nas idades iniciais pode resultar em mudanças genéticas de mesmo sentido nas idades adjacentes e de sentidos opostos ou ausência de associação com as idades ao final do intervalo. Esse comportamento pode ser descrito em parte pela natureza poligênica das características de resistência (Kemper et al., 2011), uma vez que muitos genes são responsáveis por explicarem pequenas porcentagens da variância total. Sendo assim, diferentes genes estão associados aos

mecanismos de defesa do animal, em diferentes idades para uma mesma característica de resistência. Os resultados sugerem a existência de genes com efeitos pleiotrópicos que apresentam respostas favoráveis nas idades adjacentes e repostas antagônicas nas idades mais distantes. Outra explicação pode ser atribuída para os valores negativos das correlações genéticas nos extremos do intervalo das resistências a nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp. Neste estudo não foi considerada a possibilidade de infecção por diferentes espécies de nematoides gastrointestinais e *Eimeria*. Esta teoria está baseada na resposta imune-específica do hospedeiro, e sugere que diferentes genes estão associados aos mecanismos de defesa para cada espécie. Como não foi possível identificar diferentes espécies de nematoides gastrointestinais e *Eimeria*, é possível haver diferenças nas espécies de parasitos prevalentes nas diferentes idades, especialmente nos extremos do intervalo.

Tabela 3.4. Médias *a posteriori* e intervalo de alta densidade (95%) das correlações genéticas (acima da diagonal) e ambientais (abaixo da diagonal) de resistência a nematoides gastrointestinais em bovinos Nelore entre as idades 205, 365, 450 e 550, obtidas por meio dos modelos  $OPG_{2221}$ ,  $CAR_{2221} \times OPG_{2221}$  e  $OPG_{2221} \times OOPG_{4221}$ .

		$OPG_{2221}$			
		205	365	450	550
205			0,83 (0,72 a 0,90)	0,19 (-0,08 a 0,46)	-0,45 (-0,66 a -0,21)
365	0,22 (0,17 a 0,27)			0,69 (0,53 a 0,82)	0,10 (-0,19 a 0,36)
450	0,02 (-0,01 a 0,07)	0,08 (0,06 a 0,11)			0,77 (0,64 a 0,87)
550	-0,18 (-0,24 a -0,12)	0,01 (-0,02 a 0,04)	0,13 (0,10 a 0,18)		
		$CAR_{2221} \times OPG_{2221}$			
		205	365	450	550
205			0,53 (0,12 a 0,98)	0,21 (-0,20 a 0,58)	-0,41 (-0,71 a -0,02)
365	0,07 (0,02 a 0,15)			0,70 (0,45 a 0,87)	0,13 (-0,29 a 0,50)
450	-0,01 (-0,05 a 0,05)	0,02 (-0,01 a 0,05)			0,77 (0,58 a 0,90)
550	-0,09 (-0,17 a -0,02)	-0,01 (-0,04 a 0,03)	0,04 (0,01 a 0,09)		
		$OPG_{2221} \times OOPG_{4221}$			
		205	365	450	550
205			0,80 (0,63 a 0,93)	0,28 (0,01 a 0,49)	-0,32 (-0,55 a -0,15)
365	0,06 (0,01 a 0,12)			0,78 (0,68 a 0,87)	0,27 (-0,13 a 0,61)
450	0,00 (-0,04 a 0,03)	0,01 (-0,01 a 0,03)			0,78 (0,54 a 0,93)
550	-0,09 (-0,18 a -0,01)	-0,01 (-0,04 a 0,01)	0,02 (0,00 a 0,05)		

Em geral, as correlações de ambiente entre os pares de idade de uma mesma característica de resistência indicaram que os fatores ambientais têm influência opostas nos extremos do intervalo. Uma explicação seria que os animais de um lote de manejo não permanecem no mesmo piquete ao longo de todo intervalo. A mudança do ambiente de criação pode determinar diferentes taxas de contaminação das pastagens, sendo possível

inferir que, para um mesmo tipo de parasito, a carga parasitária não seja uniforme em todos os ambientes. Além disso, a amplitude do intervalo de 451 dias permite que os animais passem por pelo menos uma época de seca e uma das águas. Nestes períodos as condições climáticas de temperatura e umidade são discrepantes, e resultam em diferentes cargas parasitárias. Dessa forma, mesmo se o ambiente de criação não for alterado, as mudanças nas condições climáticas podem interferir nas cargas parasitárias, e resultar em correlações desfavoráveis ao início e no final do intervalo.

Tabela 3.5. Médias *a posteriori* e intervalo de alta densidade (95%) das correlações genéticas (acima da diagonal) e ambientais (abaixo da diagonal) de resistência a *Eimeria* spp. em bovinos Nelore entre as idades 205, 365, 450 e 550, obtidas por meio dos modelos  $OOPG_{4221}$ ,  $CAR_{2221} \times OOPG_{4221}$  e  $OPG_{2221} \times OOPG_{4221}$ .

		$OOPG_{4221}$			
		205	365	450	550
205			0,48 (0,11 a 0,74)	-0,51 (-0,76 a -0,18)	-0,77 (-0,90 a -0,60)
365	0,18 (0,11 a 0,24)			0,47 (0,15 a 0,72)	0,14 (-0,20 a 0,50)
450	0,12 (-0,19 a 0,05)	0,03 (0,00 a 0,08)			0,93 (0,86 a 0,97)
550	-0,38 (-0,48 a -0,28)	-0,03 (-0,09 a 0,02)	0,22 (0,15 a 0,30)		
		$CAR_{2221} \times OOPG_{4221}$			
		205	365	450	550
205			0,88 (0,31 a 1,00)	-0,33 (-0,77 a 0,41)	-0,73 (-0,93 a 0,39)
365	0,11 (0,02 a 0,21)			0,45 (-0,13 a 0,91)	0,00 (-0,76 a 0,81)
450	-0,16 (-0,26 a -0,06)	-0,01 (-0,04 a 0,04)			0,84 (0,35 a 0,98)
550	-0,40 (-0,52 a -0,27)	-0,05 (-0,13 a 0,02)	0,20 (0,10 a 0,30)		
		$OPG_{2221} \times OOPG_{4221}$			
		205	365	450	550
205			-0,08 (-0,13 a -0,02)	-0,43 (-0,71 a -0,09)	-0,77 (-0,89 a -0,58)
365	0,12 (0,05 a 0,20)			0,38 (0,04 a 0,67)	-0,02 (-0,39 a 0,34)
450	-0,15 (-0,23 a -0,05)	-0,01 (-0,04 a 0,03)			0,90 (0,81 a 0,96)
550	-0,38 (-0,50 a -0,23)	-0,06 (-0,12 a 0,01)	0,17 (0,07 a 0,27)		

As médias *a posteriori* das correlações genéticas da resistência a carrapatos e nematoides gastrointestinais foram crescentes até os 436 dias, e decrescentes dessa idade aos 597 dias (Figura 3.9). As correlações foram de baixa a alta magnitude, com valores negativos na maior parte do intervalo. Os IAD95% das idades entre 386 aos 491 dias não incluíram o zero e foram positivos, podendo inferir que nessas regiões existem efeitos pleotrópicos com respostas similares relacionadas aos mecanismos de defesa entre as características de resistência a carrapatos e nematoides gastrointestinais. Os IAD95% para essas correlações genéticas nas idades inferiores a 386 dias e superiores a 491 dias contemplaram o zero, o que indica a ausência de associação genética entre as características nessas idades.

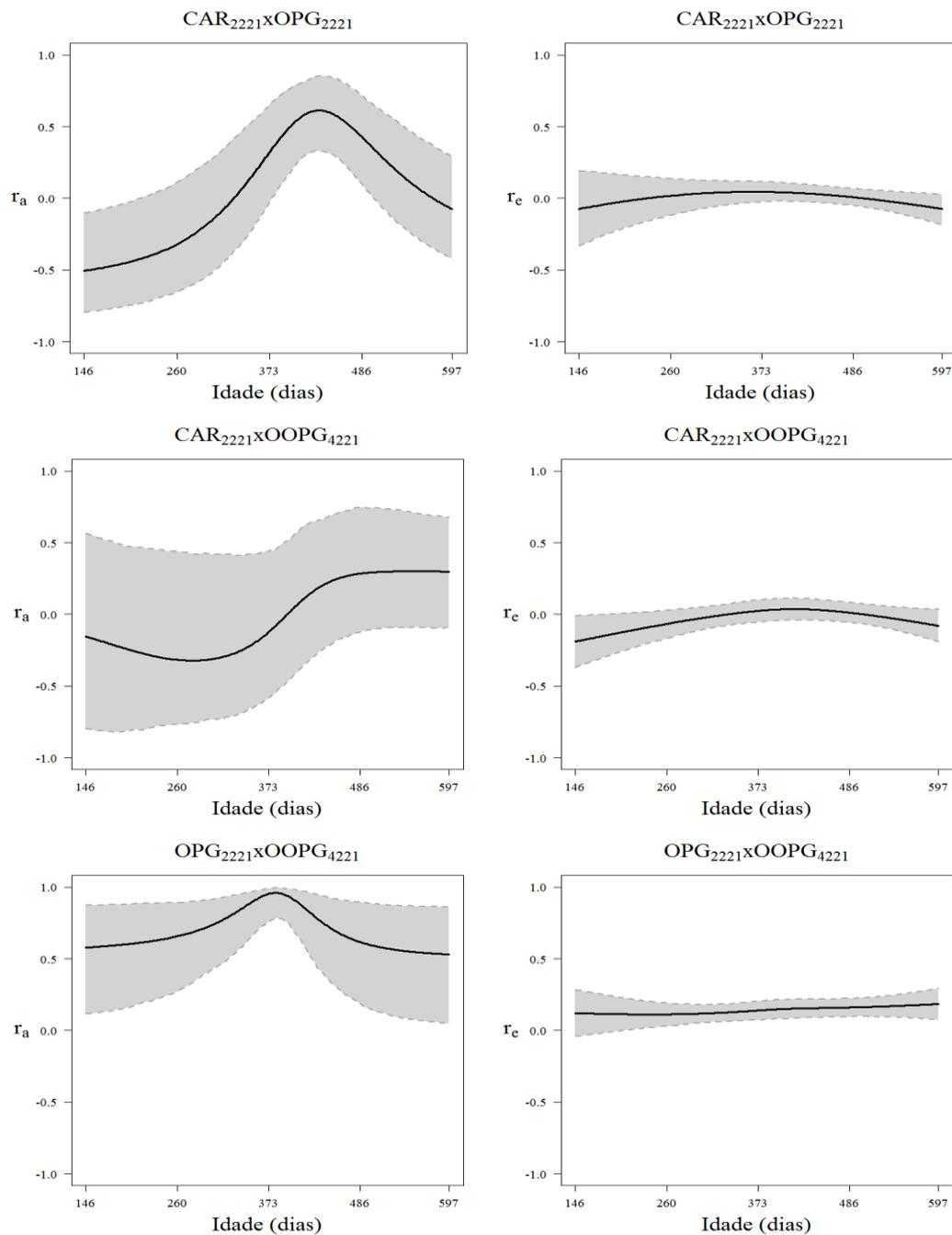


Figura 3.9. Médias *a posteriori* e o intervalo de alta densidade (95%) das correlações genéticas ( $r_a$ ) e ambientais ( $r_e$ ), entre as características de resistência a carrapatos, nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp. em bovinos Nelore obtidas por meio dos modelos  $CAR_{2221} \times OPG_{2221}$ ,  $CAR_{2221} \times OOPG_{4221}$  e  $OPG_{2221} \times OOPG_{4221}$ .

Em geral, os resultados do estudo não corroboram os resultados de Burrow (2001), que estimou correlações genéticas entre contagens de carrapatos e nematoides gastrointestinais igual a 0,30 do nascimento aos 18 meses em bovinos da raça Belmont Red.

Essa diferença pode ser explicada pelos modelos utilizados (repetibilidade x regressão aleatória), pelo método de obtenção das variâncias (REML x Bayesiana), bem como por diferenças genéticas nas bases de dados.

As médias *a posteriori* das correlações genéticas da resistência a carrapatos e *Eimeria* spp. foram de baixa a média magnitude, com o IAD95% contendo o zero em todas as idades (Figura 3.9). Este resultado indica que não existe associação genética entre a resistência a carrapatos e *Eimeria* spp. nas idades avaliadas. As médias *a posteriori* das correlações genéticas da resistência aos nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp. foram altas, com valores positivos em todo o intervalo. Os IAD95% não incluíram o zero em todas as idades avaliadas. Neste caso, também é possível inferir que existem genes com efeitos pleiotrópicos que sejam responsáveis por respostas genéticas de mesmo sentido para resistência aos dois endoparasitos estudados em todas as idades do intervalo.

Uma explicação para a ausência de associação entre as características de resistência a carrapatos e endoparasitas, pode ser atribuída à existência de diferentes genes responsáveis pelo controle dessas características. Este fato pode sugerir que os mecanismos de defesa para a resistência a carrapatos estão mais relacionados a barreiras físicas e comportamentais como a autolimpeza, espessura da pele e o comprimento dos pelos. Enquanto os mecanismos de defesa mais preponderantes para a resistência aos endoparasitas são as respostas celular e humoral. Além disso, a não identificação das espécies de nematoides gastrointestinais e *Eimeria* no estudo pode ter contribuído para a ausência dessa relação, uma vez que a resposta imune é espécie-específica e está associada a diferentes genes para cada característica e idade. Por outro lado, a associação positiva entre a resistência a nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp. sugere que os mecanismos de defesa das duas características são similares, em que as respostas celular e humoral estão associadas aos mesmos tipos de células e imunoglobulinas.

Os resultados das correlações genéticas indicaram que a resistência a carrapatos pode ser incluída como critério de seleção, juntamente com apenas uma das características de resistência a endoparasitas. Este fato pode ser justificado em função da ausência de associação genética entre a resistência a carrapatos com as demais características e a associação genética positiva e de alta magnitude entre a resistência a nematoides e *Eimeria* spp. Cabe ressaltar que a inclusão dessas características como critérios de seleção na raça Nelore depende da gravidade do problema na propriedade e da incidência desses parasitos no rebanho.

A possibilidade de seleção específica para as diferentes espécies de nematoides gastrointestinais e *Eimeria* pode contribuir para a melhor compreensão dos mecanismos de defesa dos animais aos parasitos. Contudo, algumas dificuldades de ordem prática podem ser observadas como a necessidade de mão de obra qualificada para a identificação das espécies de nematoides gastrointestinais e *Eimeria*, e a existência de correlações genéticas desfavoráveis entre as diferentes espécies de parasitos.

As médias *a posteriori* e o intervalo de IAD95% das correlações de ambiente entre as características de resistência para o intervalo de 146 a 597 dias foram similares, exceto para a resistência entre nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp. (Figura 3.9). Em geral, as médias *a posteriori* das correlações de ambiente da resistência a carrapatos e endoparasitas foram de baixa magnitude e negativas ao longo de todo o período avaliado, com inclusão do zero nos IAD95% em todas as idades. Este resultado indica que não existem associações ambientais entre essas características. Sendo assim, é possível inferir que os ambientes de criação podem conter diferentes cargas parasitárias e a contaminação das pastagens por carrapatos e endoparasitas não são associadas. Contudo, as correlações de ambiente entre a resistência para nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp. foram positivas e de baixa magnitude à partir dos 208 dias, indicando que existe associação entre a carga parasitária desses parasitos. Neste caso, provavelmente o desenvolvimento das diferentes fases de vidas dos endoparasitas estudados partilham de condições ambientais similares como temperatura e umidade.

A primeira autofunção obtida a partir dos resultados das análises unicaracterísticas para resistência aos três parasitos descreveram aumentos nos valores ao longo de todo o intervalo, com mudança de sinal próxima aos 373 dias (Figura 3.10). Essas tendências indicam que a seleção para este componente comporta-se de forma distinta no início e ao final da trajetória, e a resposta à seleção terá efeitos contrários nestas regiões. A primeira autofunção está associada a autovalores de alta magnitude, indicando que a seleção genética para este componente irá acarretar em mudanças genéticas acentuadas.

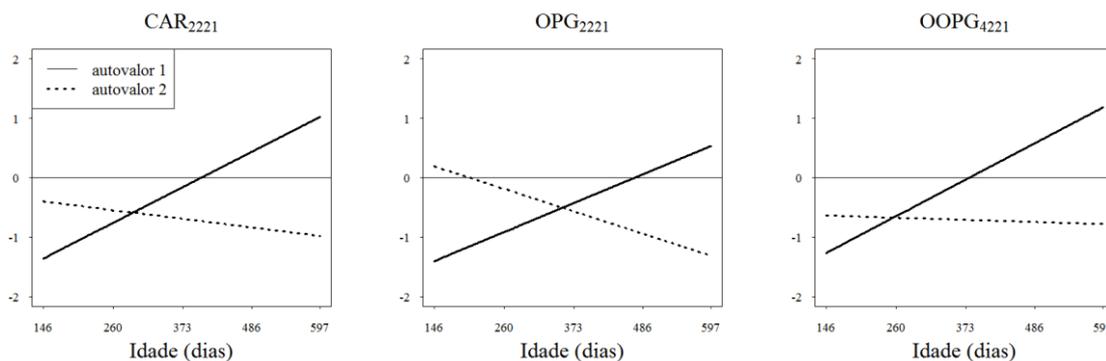


Figura 3.10. Autofunções associadas aos dois autovalores da matriz de (co)variância do efeito genético aditivo direto obtidos em análises para a resistência a carrapatos ( $CAR_{2221}$ ), nematoides gastrointestinais ( $OPG_{2221}$ ) e *Eimeria* spp. ( $OOPG_{4221}$ ) em bovinos Nelore.

A segunda autofunção da matriz de covariância do efeito genético aditivo direto para todas as características apresentaram valores negativos durante todo o intervalo, exceto para resistência aos nematoides gastrointestinais, quando valores positivos foram observados antes de 204 dias de idade (Figura 3.10). Espera-se que a seleção para este componente resulte em mudanças genéticas de mesmo sentido para resistência a carrapatos e *Eimeria* spp. em todas as idades, com exceção da seleção para resistência aos nematoides gastrointestinais até os 204 dias, que terá efeito contrário sobre a resistência a este mesmo parasito nas idades posteriores. Os segundos autovalores descreveram 34%, 23% e 18% da variação genética aditiva, indicando que mudanças genéticas de magnitude moderada podem ocorrer com a seleção deste componente. A seleção baseada nas duas autofunções pode resultar em menor ganho genético esperado, uma vez que as autofunções apresentam comportamentos divergentes e estão associados a autovalores de grande magnitude.

### 3. 5. Conclusão

Modelos de regressão aleatória com polinômios de Legendre de baixa ordem são eficientes para descrever as variações genéticas para resistência a carrapatos, nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp. em bovinos Nelore dos 146 aos 597 dias de idade.

É possível aumentar a frequência de bovinos Nelore geneticamente resistentes a carrapatos, nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp. por meio da seleção.

#### 4. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os programas de melhoramento de bovinos de corte têm como objetivo alterar as médias das características de interesse econômico e aumentar o lucro nos sistemas de produção. Para que esse objetivo seja alcançado, as avaliações genéticas devem ser realizadas com modelos estatísticos que sejam capazes de particionar a variância fenotípica total de modo adequado e de identificar corretamente os valores genéticos dos candidatos à seleção. Os modelos de regressão aleatória podem ser utilizados para auxiliar na melhoria na qualidade da modelagem de dados de peso e das características de resistência a carrapatos, nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp. Tais modelos permitem melhorar o aproveitamento dos dados, não necessitam de ajustes arbitrários, promovem incremento na acurácia de avaliação e, dessa forma, possibilitam a obtenção de maiores ganhos genéticos.

A comparação de diferentes modelos estatísticos é importante para identificar modelos que são capazes de descrever adequadamente os componentes de covariância dos efeitos aleatórios e, dessa forma, particionar corretamente a variação fenotípica total da característica avaliada.

Polinômios de Legendre de ordens elevadas foram necessários para análise do peso, e polinômios lineares foram suficientes para descrever as mudanças dos componentes de covariância para as características de resistência a carrapatos, nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp. em bovinos Nelore. Apesar de tais polinômios descreverem de forma coerente os efeitos fixos e aleatórios dos modelos, eles apresentaram dificuldades em ajustar a trajetória nos extremos do intervalo em função da distribuição irregular dos dados e por artefatos do próprio polinômio. Para contornar ou minimizar este problema, novos estudos podem ser realizados com outras funções polinomiais, como polinômios segmentados do tipo B-spline.

Apesar dos zebuínos serem considerados resistentes aos principais parasitos prevalentes no Brasil, foi verificado que existe variabilidade genética aditiva suficiente para a resistência a carrapatos, nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp. na raça Nelore. Dessa forma, essas características podem ser incluídas como critérios de seleção nos programas de melhoramento genético da raça, e a seleção para resistência a parasitos também pode ser considerada como método complementar em programas de controle estratégico desses parasitos. As correlações genéticas das características de resistência indicaram que estas

devem ser inseridas individualmente (no caso da resistência a carrapatos) ou em conjunto (no caso da resistência aos endoparasitos) como critérios de seleção.

A superfície de resposta dos valores genéticos para as medidas de peso e as respostas a seleção para as características de resistência a carrapatos, nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp. em bovinos Nelore demonstraram que é possível obter progressos genéticos para essas características por meio da seleção.

Para a inclusão das características de resistência a carrapatos, nematoides gastrointestinais e *Eimeria* spp. como critérios de seleção de programas de melhoramento em fazendas comerciais de bovinos de corte, é necessário a implementação de algumas etapas. Primeiro deve ser estipulado contagens de carrapatos e coleta de fezes regulares em animais jovens a partir de um mês de idade com intervalos a cada 21 dias, uma vez que a maioria dos parasitos completa o ciclo com esse período. Após essa etapa, deve ser realizada uma análise de consistência do banco de dados e realizadas avaliações genéticas por meio da metodologia dos modelos mistos, utilizando de preferência modelos multicaracterísticos ou de regressão aleatória. Os resultados das avaliações genéticas fornecem parâmetros genéticos das características e também os valores genéticos dos animais que podem ser utilizados de maneira prática por meio de índices. Esses devem considerar e ponderar corretamente as características de resistência e de produção de forma que seja possível identificar animais geneticamente superiores para todas as características incluídas no índice. Com essas medidas é possível incluir as características de resistência como critérios de seleção e também obter progressos genéticos ao longo das gerações.

## 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.79, p.2776-2789, 2001.
- ARANGO, J.A.; CUNDIFF, L.V.; VAN VLECK, L.D. Covariance functions and random regression models for cow weight in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.82, p.54-67, 2004.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNE - ABIEC. [2013]. **Balanço da pecuária bovína de corte 2013**. Disponível em: <<http://www.abiec.com.br/img/Upl/perfil-290114-800.jpg>> Acesso em: 20 dez. 2013.
- BALDI, F.; ALBUQUERQUE, L.G.; ALENCAR, M.M. Random regression models on Legendre polynomials to estimate genetic parameters for weights from birth to adult age in Canchim cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.127, p.289-299, 2010.
- BISHOP, S.C. A consideration of resistance and tolerance for ruminant nematode infections. **Frontiers in Genetics**, v.3, p.1-7, 2012.
- BOLIGON, A.A.; MERCADANTE, M.E.Z; FORNI, S. et al. Covariance functions for weights from birth to maturity in Nelore cows. **Journal of Animal Science**, v.88, p.849-859, 2010.
- BOLIGON, A.A.; BALDI, F.; MERCADANTE, M.E.Z. et al. 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.
- BUDELI, M.A, NEPHAWA, K.A.; NORRIS, D. et al., Genetic parameter estimates for tick resistance in Bosnara Cattle. **South African Journal of Animal Science**. v,39, p.321-327, 2009.

- BURROW, H.M. Variances and covariances between productive and adaptive traits and temperament in a composite breed of tropical beef cattle. **Livestock Production Science**, v.70, p.213-233, 2001.
- CARDOSO, F.F; YOKOO, M.J.; GOMES, C.C.G. et al. **Avaliação genômica de touros Hereford e Braford**. Bagé: Embrapa Pecuária Sul, 2012. p.32. (Documentos, 127).
- CARRERA, J.P.B. **Parâmetros genéticos para resistência aos carrapatos, helmintos gastrointestinais e *Eimeria* spp. e perspectivas do uso da seleção em bovinos da raça Nelore**. 2013. 51p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.
- DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G.; TONHATI, H. et al. Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimentos aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, p.1915-1925, 2006.
- FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U; ALBUQUERQUE, L.G. et al. **Utilização de escores visuais de características morfológicas de bovinos Nelore como ferramenta para melhoramento genético animal**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2007. p.40. (Documentos, 177).
- FRAGA, A.B.; ALENCAR, M.M.; FIGUEIREDO, L.A. et al. Análise de fatores genéticos e ambientais que afetam a infestação de fêmeas bovinas da raça Caracu por carrapatos (*Boophilus microplus*). **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.32, p.1578-1586, 2003.
- GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to calculating posterior moments. In: BERNADO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMITH, A.F.M. (Eds.), **Bayesian Statistics**. Oxford University Press: Oxford, 1992. p.1-31.
- GRISI, L.; MASSARD, C. L.; MOYA BORJA, G.E. et al. Impacto econômico das principais ectoparasitoses em bovinos no Brasil. **A Hora Veterinária**, v.21, p.8-10, 2002.
- GONZALES, J.C.O. **O controle do carrapato do boi**. 3. ed. Passo Fundo: UPF, 2003. 129p.
- IBELLI, A.M.G.; NAKATA, L.C.; ANDRÉO, R. et al. mRNA profile of Nelore calves after primary infection with *Haemonchus placei*. **Veterinary Parasitology**, v.176, p.195-200, 2011.

- JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regression for yield traits of first lactation holsteins. **Journal of Dairy Science**, v.80, p.762-770, 1997.
- JAMROZIK, J. Implementation issues for Markov Chain Monte Carlo methods in random regression test-day models. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, V.121, p.1-13, 2004.
- JONSSON, N.N.; HOPE, M. Progress in the epidemiology and diagnosis of amitraz resistance in the cattle tick *Boophilus microplus*. **Veterinary Parasitology**, v.137, p.193-198, 2007.
- KEMPER, K.E; EMERY, D.L.; BISHOP, S. et al. The distribution of SNP marker effects for faecal worm egg count in sheep, and the feasibility of using these marker to predict genetic merit for resistance to worm infections. **Genetics Research**, v.93, p.203-219, 2011.
- KLAFKE, G.M.; SABATINI, G.A.; ALBUQUERQUE, T.A.A. et al. Larval Immersion Tests with ivermectin in populations of the cattle tick *Rhipicephalus (Boophilus) microplus* (Acari:Ixodidae) from state of São Paulo, Brazil. **Veterinary Parasitology**, v.142, p.386-390, 2006.
- KNOX, M.R.; BESIERM, R.B.; JAMBRE, L.F. et al. Novel approaches for the control of helminth parasites of livestock VI: Summary discussions and conclusions. **Veterinary Parasitology**, v.186, p.413-419, 2012.
- LASSEN, B.; ØSTERGAARD, S. Estimation of the economical effects of Eimeria infections in Estonian dairy herds using a stochastic model. **Preventive Veterinary Medicine**, v.106, p.258-265, 2012.
- MACKINNON, M.J.; MEYER, K.; HETZEL, D.J.S. Genetic variation and covariation for growth, parasite resistance and heat tolerance in tropical cattle. **Livestock Production Science**, v.27, p.105-122, 1991.
- MARTINEZ, L.M.; SILVA, M.V.G.B.; MACHADO, M.A. et al. A biologia molecular como aliada no combate aos carrapatos. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2004. p.1-3.

- MATJILA, P.T.; PENZHORN, B.L. Occurrence and diversity of bovine coccidian at three localities in South Africa. **Veterinary Parasitology**, v.104, p.93-102, 2002.
- MEYER, K. Estimates of genetic and phenotypic covariance functions for postweaning growth and mature weight of beef cows. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.116, p.185-205, 1999.
- MEYER, K. Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, v.65, p.19-38, 2000.
- MEYER, K. Estimates of direct and maternal covariances functions for growth of Australian beef calves from birth to weaning. **Genetics Selection Evolution**, v.33, p.487-514, 2001.
- MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v.86, p.69-83, 2004.
- MEYER, K. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. **Genetics Selection Evolution**, v.37, p.473-500, 2005.
- MISZTAL, I., 2010. BLUPF90 Manual: a flexible mixed model program in Fortran 90. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>>. Acesso em: 10 set. 2013.
- MORRIS, C.A.; AYMES, N.C. Heritability and repeatability of resistance to nematode parasites in comercial beef cattle. **Proceedings of the New Zeland Society of Animal Production**, v.72, p.236-239, 2012.
- NEPHAWE, K.A. Application of random regression models to the genetic evaluation of cow weight in Bonsmara cattle of South Africa. **South African Journal of Animal Science**, v.34, p.166-173, 2004.
- NOBRE, P.R.C.; LOPES, P.S.; TORRES, R.A. et al. Analyses of growth curves of Nelore cattle by Bayesian method via Gibbs sampling. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.55, p.480-490, 2003a.
- NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S. et al. Analyses of growth curves of Nelore cattle by multiple-trait and random regression. **Journal of Animal Science**, v.81, p.918-926, 2003b.

- R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2009. R: a language and environment for statistical computing: R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em: <<http://www.R-project.org>>. Acesso em: 8 ago. 2013.
- RAFTERY, A.L; LEWIS, S. One long run with diagnostics: implementation strategies for Markov chain Monte Carlo. **Statistical Science**, v.7, p.493-497, 1992.
- REKAYA, R.; CARABAÑO, M.J.; TORO, M.A. Use of test day yields for the genetic evaluation of production traits in Holstein-Frisian cattle. **Livestock Production Science**, v.507, p. 203-217, 1999.
- SCALEZ, D.C.B.; FRAGOMENI, B.O.; PASSAFARO, T.L. et al. Polynomials to model growth of young bulls in performance test. **Animal**, v. 8, p.1-9, 2014.
- SCHAEFFER, L.R., 2001. Random regression: course notes. Disponível em: <<http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/ABModels/NOTES/RRM14a.pdf>> Acesso em: 15 dez. 2013.
- SCHWARZ, G. Estimating the dimension of a model. **Annals of Statistics**, v. 6, p.461-464, 1978.
- SILVA, M.V.G.B.; VAN TASSELL, C.P.; SONSTEGARD, T.S. et al. Box-Cox transformation and random regression model for fecal egg count data. **Frontiers in Genetics**, v.2, p.112-125, 2011.
- SMITH, B.J., 2005. Bayesian output analysis program (BOA) version 1.1 user's manual. Disponível em: <<http://www.public-health.uiowa.edu/boa/2005>> Acesso em: 10 nov. 2013.
- SONSTEGARD, T.S.; GASBARRE, L.C. Genomic tools to improve parasite resistance. **Veterinary Parasitology**, v.101, p.387-403, 2001.
- SPIEGELHALTER, D.J; BEST, N.G.; CARLIN, B.P. et al. Bayesian measures of model complexity and fit. **Journal of Royal Statistical Society Series B (Statistical Methodology)**, v.64, p.583-639, 2002.
- SPISSO, B.F.; NÓBREGA, A.W; MARQUES, M.A.S. Resíduos e contaminantes químicos em alimentos de origem animal no Brasil: histórico, legislação e atuação da vigilância sanitária e demais sistemas regulatórios. **Ciência e Saúde Coletiva**, v. 14, p.2091-2106, 2009.

- STROMBERG, B.E.; VATTHAUER, R.J.; SCHLOTTHAUER, J.C. et al. Production responses following strategic parasite control in a beef cow/calf herd. **Veterinary Parasitology**, v.68, p.15-322, 1997.
- SUTHERST, R.W.; MAYWALD, G .F.; KERR, J.D. et al. The effect of the cattle tick (*Boophilus microplus*) on the growth of *Bos indicus* x *Bos taurus* steers. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.34, p.317-327, 1983.
- TAYLOR, M.A.; CATCHPOLE, J. Coccidiosis of domestic ruminants. **Applied Parasitology**, v.35, p.73-86, 1994.
- THOMPSON, R. The estimation of variance and covariance components with an application when records are subject to culling. **Biometrics**, v.29, p.527-550, 1973.
- TORAL, F.L.B.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R. Estruturas de variância residual para estimação de funções de covariância para pesos de bovinos da raça Canchim. **Revista Brasileira Zootecnia**, v.38, p.2152-2460, 2009.
- TSURUTA. S.; MISZTAL, I. Thrgibbs1f90 for estimation of variance componentes with threshold-linear models. In: 8TH WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: WCGALP, 2006. (CD-ROM).
- TSURUTA, S.; MISZTAL, I.; HUANG, C. et al. Bivariate analyses of conception rates and test-day milk yields using a thereshold-linear model with random regression. **Journal of Dairy Science**, v.92, p.2922-2930, 2009.
- UENO, H; GONÇALVES, P.C. **Manual para diagnóstico das helmintoses de ruminantes**. 4.ed. Tóquio: Japan International Cooperation Agency, 1998. 143p.
- VAN DER WERF, J. 2001. Random regression in Animal Breeding: course notes. Disponível em: <<http://www-personal.une.edu.au/~jvanderw/CFcoursenotes.pdf>>. Acesso em: 20 dez. 2013.
- WHARTHORN, R.H.; UTECH, K.B.W. The relation between engorgement and dropping of *B. microplus* (Canestrini) (Ixodidae) to the assessment of tick numbers on cattle. **Journal Australian Entomology Society**, v.9, p.171-182, 1970.

ZINSSTAG, J.; ANKERS, P.; NJIE, M. et al. Heritability of gastrointestinal nematode faecal egg counts in West African village N'Dama cattle and its relation to age. **Veterinary Parasitology**, v.89, p.71-78, 2000.