

FÁBIO LUIZ BURANELO TORAL

**MODELOS PARA AVALIAÇÃO GENÉTICA DO PESO À DESMAMA DE
BOVINOS CRUZADOS CHAROLÊS-ZEBU**

Tese apresentada à
Universidade Federal de Viçosa,
como parte das exigências do
Programa de Pós-Graduação em
Zootecnia, para obtenção do título de
Doctor Scientiae.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2007

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

T676m
2007

Toral, Fábio Luiz Buranelo. 1979-
Modelos para avaliação genética do peso à desmama de
bovinos cruzados Charolês-Zebu / Fábio Luiz Buranelo
Torral. – Viçosa, MG, 2007.
xii, 138f. : il. (algumas col.) ; 29cm.

Orientador: Paulo Sávio Lopes.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Bovino - Melhoramento genético - Métodos esta-
tísticos. 2. Bovino - Seleção. I. Universidade Federal de
Viçosa. II. Título.

CDD 22.ed. 636.2082

FÁBIO LUIZ BURANELO TORAL

**MODELOS PARA AVALIAÇÃO GENÉTICA DO PESO À DESMAMA DE
BOVINOS CRUZADOS CHAROLÊS-ZEBU**

Tese apresentada à
Universidade Federal de Viçosa,
como parte das exigências do
Programa de Pós-Graduação em
Zootecnia, para obtenção do título de
Doctor Scientiae.

APROVADA: 23 de julho de 2007.

Prof. Elias Nunes Martins

Pesq. Maurício Mello de Alencar

Prof. Ricardo Frederico Euclides

Pesq. Roberto A. de A. Torres Júnior
(Co-orientador)

Prof. Paulo Sávio Lopes
(Orientador)

Aos meus professores.

Aos meus alunos.

Aos criadores de Canchim.

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade de realização dos estudos.

Ao professor Paulo Sávio Lopes, pela oportunidade de realização deste trabalho, pela orientação e confiança.

Ao amigo, companheiro, professor e pesquisador Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior, pela orientação, pela sincera amizade e pelo convívio com sua família, na cidade de Campo Grande.

Ao professor Robledo de Almeida Torres, pelas contribuições como co-orientador e membro da banca de qualificação e pelo tratamento fraterno.

Ao professor Adair José Regazzi, pelas aulas de Modelos Lineares e Análise Multivariada e contribuições no exame de qualificação.

Ao pesquisador Rui da Silva Verneque, pela amizade e contribuição no exame de qualificação.

Ao pesquisador Fernando Flores Cardoso, pela disponibilização de programas computacionais e pelas sugestões, fundamentais à realização deste trabalho.

Ao professor Ricardo Frederico Euclides, pela amizade, incentivo e contribuição durante os exames de qualificação e defesa de tese.

Ao professor Elias Nunes Martins, pela amizade, incentivo e participação na banca de defesa de tese.

Ao pesquisador Maurício Mello de Alencar, pela amizade, incentivo, exemplo de dedicação à Ciência e pela participação na banca de defesa de tese.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, pela concessão da bolsa de estudos.

À Embrapa Gado de Corte e Associação Brasileira de Criadores de Canchim, aos criadores que realizam a coleta de dados e ao pesquisador Luiz Otávio Campos da Silva, pela disponibilização de recursos físicos e humanos e por viabilizarem a base de dados.

À Universidade Federal de Mato Grosso, professores e alunos do Curso de Zootecnia do Campus de Rondonópolis, pela oportunidade de afastamento para a conclusão do Doutorado.

Ao amigo Rodolpho de Almeida Torres Filho, pela amizade e pelos conselhos durante o início da minha vida em Viçosa.

Ao amigo, padrinho e afilhado João Cruz Reis Filho, pela amizade, pelo apoio científico e pelas discussões sobre os problemas da humanidade.

Ao amigo Rodrigo José de Almeida Torres Filho, pela amizade, companheirismo e pelos momentos de descontração.

Aos amigos e companheiros de república Rafael Gonçalves Veloso, Samuel Mazzinghy Alvarenga, Luciano Viana da Cota, Antônio Carlos Montagner Maier, André Gomes Coelho de Souza, Danilo Cerqueira Cordeiro, Rita de Cássia Faria e Dara Jack Joe e à amiga Rízia Lara, pela hospitalidade e convívio fraterno.

Aos colegas de pós-graduação Elizângela Emídio Cunha, Fernanda Cristina Breda, Gustavo Henrique de Souza, Jane de Oliveira Peixoto, José Lindenberg da Rocha Sarmiento, Leandro Barbosa, Luciara Celi Chaves, Marcelo Silva de Freitas, Marcos Yamaki e Rachel Santos Bueno, pela companhia durante esta caminhada e por tornarem as horas de estudo mais agradáveis.

Aos amigos de todos os momentos Ângela Coradette, Luciano da Rocha Ribeiro, Maria Lúcia Bonfleur, Sandra Lucinei Balbo, Vagner de Alencar Arnaut de Toledo, Viviane Karina Gianlorenço, por estarem sempre ao meu lado incentivando-me.

Aos meus pais Jair da Silva Toral e Maria Aparecida Buranelo Toral e à minha irmã Luciana Buranelo Toral, pelo amor, por terem dado o melhor de si para que eu pudesse estudar e alcançar os meus objetivos, por estarem sempre ao meu lado, por me incentivarem em todos os momentos da minha vida. Esta vitória só foi possível porque vocês sempre estiveram a meu lado.

À minha esposa Katia Gonçalves Gutierrez, pelo amor, companhia, carinho e por compartilhar todos os momentos.

A todos os meus familiares, por estarem sempre torcendo por mim e por serem a base para a minha vida.

A todos meus professores e, em especial, à professora Belarmina Batista de Souza do Colégio Estadual Duque de Caxias de Maringá - PR, que me ensinou a ler e escrever, e que sempre será lembrada.

A todos aqueles que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

Fábio Luiz Buranelo Toral nasceu em Jandaia do Sul - PR, em 9 de setembro de 1979. É filho de Maria Aparecida Buranelo Toral e Jair da Silva Toral e casado com Katia Gonçalves Gutierrez. Zootecnista pela Universidade Estadual de Maringá (UEM) formou-se em março de 2002. Durante o Curso de Graduação atuou nas seguintes funções: monitor da disciplina Anatomia dos Animais Domésticos, como bolsista da UEM; bolsista do Programa Especial de Treinamento do Departamento de Zootecnia da UEM, financiado pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, desenvolveu atividades nas áreas de apicultura, fisiologia, nutrição de monogástricos e pastagem; como bolsista do Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica da UEM, financiado pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, desenvolveu estudos na área de nutrição de monogástricos; e como bolsista do programa de Treinamento Técnico da Fundação de Apoio à Pesquisa Agropecuária e Ambiental / Geneplus desenvolveu atividades na área de melhoramento genético de bovinos de corte. Entre março de 2002 a fevereiro de 2004, realizou o Curso de Mestrado em Genética e Melhoramento Animal, na Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Campus de Jaboticabal, sob orientação do Dr. Maurício Mello de Alencar e co-orientação do Dr. Alfredo Ribeiro de Freitas, com bolsa de estudos concedida pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo. Em março de 2004, iniciou o Curso de Doutorado em Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa (UFV), sob orientação do Dr. Paulo Sávio Lopes e do Dr. Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior, com bolsa de estudos concedida pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico. Em maio de 2006, após ser aprovado em primeiro lugar em concurso público, assumiu o cargo de Professor Assistente I, junto à Universidade Federal de Mato Grosso (UFMT), Campus Universitário de Rondonópolis, onde tem atuado nas áreas de genética, melhoramento animal e bovinocultura de corte. Em 23 de julho de 2007, submeteu-se ao exame final de defesa de tese, sendo aprovado pela banca examinadora.

SUMÁRIO

	Página
Resumo	ix
Abstract	xi
1. Introdução	1
2. Revisão de Literatura: Avaliação Genética de Populações Multirraciais	3
2.1. Avaliações Genéticas	4
2.2. A Metodologia de Modelos Mistos	7
2.3. Populações Multirraciais	12
2.4. Efeitos Genéticos que Influenciam o Desempenho dos Animais	16
2.5. Efeitos Ambientais que Influenciam o Desempenho dos Animais	22
2.6. Heterogeneidade de Variâncias	28
2.7. Avaliações Genéticas na Presença de Variâncias Heterogêneas	33
2.8. Considerações Finais	36
2.9. Literatura Citada	37
3. Capítulo 1: Modelagem dos Efeitos de Idade ao Parto e Composição Genética da Vaca Sobre o Peso à Desmama de Bezerros Cruzados Charolês-Zebu	46
Resumo	46
Abstract	47
3.1. Introdução	48
3.2. Material e Métodos	48
3.3. Resultados e Discussão	54
3.4. Conclusões	69
3.5. Literatura Citada	69
4. Capítulo 2: Modelagem de Efeitos Genéticos e Ambientais que Influenciam o Peso à Desmama de Bezerros Cruzados Charolês-Zebu Resumo	72 72

Abstract	73
4.1. Introdução	74
4.2. Material e Métodos	74
4.3. Resultados e Discussão	83
4.4. Conclusões	100
4.5. Literatura Citada	100
5. Capítulo 3: Pressuposições Sobre Variâncias na Avaliação Genética do Peso à Desmama de Bovinos Cruzados Charolês-Zebu ..	105
Resumo	105
Abstract	106
5.1. Introdução	107
5.2. Material e Métodos	108
5.3. Resultados e Discussão	117
5.4. Conclusões	133
5.5. Literatura Citada	133
6. Implicações	137

RESUMO

TORAL, Fábio Luiz Buranelo, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2007. **Modelos para avaliação genética do peso à desmama de bovinos cruzados Charolês-Zebu.** Orientador: Paulo Sávio Lopes. Co-orientadores: Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior e Robledo de Almeida Torres.

As ferramentas disponíveis para promover o melhoramento genético dos rebanhos são a seleção e o cruzamento de raças. Elas podem ser utilizadas, conjuntamente, para melhorar os índices produtivos da bovinocultura de corte. Assim, alternativas para seleção de animais de populações cruzadas precisam ser desenvolvidas. Dados referentes a 56.965 pesos, na época de desmama (P225) de bezerros cruzados Charolês-Zebu, foram utilizados no desenvolvimento de modelos estatísticos para avaliação genética multirracial dos animais. No primeiro trabalho, foram avaliadas alternativas para modelar o efeito da idade ao parto (IVP) e sua interação com a composição genética da vaca sobre P225. Funções contínuas foram mais adequadas para modelar o efeito da IVP sobre P225 do que classes de IVP. Um polinômio segmentado linear + quadrático - quadrático - quadrático, com nós aos 6,33 anos e 10,66 anos de idade, ajustou-se adequadamente aos dados, especialmente para as IVP mais extremas. Os efeitos da IVP sobre P225 dos bezerros, filhos de matrizes cruzadas, podem ser obtidos, ponderando-se as curvas obtidas para as vacas Charolesas e Zebuínas puras, pelos percentuais de alelos de origem da raça Charolesa da matriz. No segundo trabalho, foram avaliadas alternativas para modelar os efeitos genéticos e ambientais que influenciam o P225. A inclusão da interação entre as variáveis grupo genético e grupo de contemporâneos promoveu melhora significativa no ajuste dos modelos. Efeitos raciais e heteróticos, individuais e maternos, também são fontes de variação importantes, que precisam ser considerados na avaliação genética de populações multirraciais. A utilização de regressão múltipla para modelar os efeitos raciais e heteróticos, individuais e maternos, possibilitou melhor estimação desses efeitos para os grupos genéticos com poucos registros. No terceiro artigo, foram analisadas situações com diferentes

pressuposições sobre as variâncias genéticas e residuais. O modelo animal com variâncias genéticas e residuais heterogêneas foi o que melhor se ajustou aos dados disponíveis. As variâncias genéticas para os grupos de animais cruzados podem ser obtidas, a partir de uma função linear das variâncias genéticas de cada raça envolvida e da variância atribuída à segregação entre raças. Os efeitos raciais e heteróticos, individuais e maternos, a IVP e o sexo do bezerro, conjuntamente, foram fontes de heterogeneidade de variâncias residuais. Se forem adotados modelos estatísticos inadequados e com pressuposições inapropriadas, pode-se reduzir o progresso genético ao longo de gerações de seleção, em função da identificação equivocada dos valores genéticos dos reprodutores.

ABSTRACT

TORAL, Fábio Luiz Buranelo, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July 2007. **Models for genetic evaluation of the weaning weight in Charolais-Zebu crossbred cattle.** Adviser: Paulo Sávio Lopes. Co-advisers: Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior and Robledo de Almeida Torres.

Both selection and crossbreeding are the available tools to promoting the genetic improvement of the livestock. When used in association, they can promote the productive indexes in cattle raising. Thus, there is a need for the development of alternatives for selection in crossbred population. So, weaning weight (W225) data relative to 56,965 Charolais-Zebu crossbred calves were used to the evaluation and development of statistical models for multiple-breed genetic evaluation. In the first study, some alternatives for modeling the effect of the age of dam at calving (AOD) and its interaction with the dam's genetic composition upon W225 were evaluated. Continuous functions were more appropriate to modeling the AOD effect upon W225 than the AOD classes. A linear + quadratic - quadratic - quadratic segmented polynomial with knots at 6.33 and 10.66 years old was appropriately adjusted to the data, especially to the most extreme AOD. The AOD effects upon W225 of the crossbred dam's calves can be obtained, by considering the curves obtained for both purebred Charolais and Zebu dams, based on the percent alleles descending from Charolais breed of the dam. In the second study, the alternatives for modeling the genetic and environmental effects influencing W225 were evaluated. The included interaction among the genetic and contemporary groups promoted significant improvement in the adjustment of the models. All breed and heterotic, individual and maternal effects are also important variation sources that should be taken into account in the multiple-breed genetic evaluation of the populations. The use of the multiple regression analysis to modeling the breed and heterotic, individual and maternal effects turned possible a better estimate of those effects for genetic groups with few records. In the third study, some situations were analyzed under different presuppositions on the genetic and residual variances. The animal model with heterogeneous residual and genetic

variances showed better adjustment to the available data. The genetic variances for crossbred animals may be obtained from the linear function of the genetic variances of each involved breed and the variance due to segregation between breeds. The heterogeneity sources of the residual variances were the breed and heterotic, individual and maternal effects, the AOD, and the calf's sex in association. If inadequate statistical models together with unappropriated presuppositions are adopted, it probably will reduce the genetic progress along the selected generations as a function of the mistaken identification of the genetic values of parents.

1. Introdução

A bovinocultura de corte é uma das atividades econômicas mais importantes no Brasil. Em 2006, o valor bruto da produção de carne bovina foi de 29,6 bilhões de reais (Confederação..., 2007), valor este que representou 5,5% do produto interno bruto do agronegócio brasileiro naquele ano (Ministério..., 2006). Embora a maior parte da produção de carne bovina no Brasil seja destinada ao mercado interno, as exportações de carne bovina foram responsáveis por 3,9 bilhões de dólares no ano de 2006, o que representou, aproximadamente, 8% do total exportado pelo agronegócio e 2,9% do total de produtos exportados pelo Brasil, conforme os dados da Confederação... (2007). Segundo a mesma agência, as exportações de carne bovina em 2006 aumentaram 28,2%, em função do aumento da quantidade exportada (12,4%) e dos preços (14,1%), em relação a 2005.

Embora este cenário pareça favorável à carne bovina, a elevação nos custos de produção, em especial aqueles relacionados a salários e insumos, a competitividade com outras atividades e alguns problemas técnicos têm desafiado a pecuária de corte a obter ganhos em produtividade. Entre os problemas técnicos, que afetam a produtividade na bovinocultura de corte, podem ser citados: variações na qualidade e na quantidade da forragem ofertada ao longo do ano; deficiências nos manejo sanitário, nutricional e reprodutivo; adoção de sistemas de produção inadequados; e baixo potencial genético dos rebanhos. A subutilização dos recursos disponíveis aumenta os custos de produção, pois, pode levar à redução no ganho de peso e dos índices reprodutivos, aumento da idade de abate e produção de carne de baixa qualidade entre outros, reduzindo a rentabilidade do investimento.

Para superar os obstáculos e se adaptar às exigências do mercado consumidor, este setor vem passando por transformações técnicas, produtivas e comerciais ao longo de décadas. A geração e a transferência de tecnologias são capazes de proporcionar a melhoria dos índices produtivos. Neste sentido, o melhoramento do potencial genético dos rebanhos pode contribuir para o desenvolvimento da produção animal.

O melhoramento genético animal pode contribuir para o aumento na produtividade da bovinocultura de corte tanto por meio da seleção, que compreende a escolha dos indivíduos, que serão os pais da próxima geração, alterando as frequências alélicas na população e promovendo mudanças genéticas na geração seguinte (Gianlorenço et al., 2003), quanto por meio dos cruzamentos que, para bovinos de corte, podem ser definidos como os acasalamentos de indivíduos de raças diferentes, possibilitando o aproveitamento da heterose, para as características que a expressam e da complementaridade entre as raças envolvidas. A seleção e o cruzamento não são ferramentas, mutuamente, excludentes. Qualquer sistema de cruzamento, ou esquema de formação de novas raças, depende dos programas de seleção das raças puras utilizadas (Alencar & Barbosa, 2003) e dos animais cruzados.

Os animais cruzados não são utilizados, apenas, como produto final. No Brasil esses animais são cada vez mais utilizados como reprodutores e matrizes, seja em populações multirraciais, seja em sistemas de cruzamento (Alencar, 2004), ressaltando a importância do desenvolvimento de alternativas para viabilizar a avaliação deste grupo de animais. Dessa forma, este trabalho foi realizado com o objetivo de revisar aspectos relacionados à avaliação genética de populações multirraciais, bem como avaliar e desenvolver modelos estatísticos para a identificação do potencial genético dos animais de uma população de bovinos cruzados Charolês-Zebu.

2. Revisão de Literatura: Avaliação Genética de Populações Multirraciais

A abertura de mercados e a competição exercida por carnes de outras espécies e por outras atividades agrícolas são alguns dos fatores, que têm exigido maior eficiência do setor produtivo de carne bovina no Brasil (Alencar, 2004). Assim, a utilização de sistemas de cruzamentos entre *Bos taurus* e *Bos indicus* deve ser analisada, como uma forma de aumentar a produção e a produtividade de carne de qualidade em condições brasileiras. Além da seleção, os cruzamentos podem ser utilizados no sentido de atender às mais importantes demandas da cadeia produtiva da carne bovina, quais sejam, boa fertilidade, precocidade reprodutiva e de acabamento e produção de carne macia (Euclides Filho & Figueiredo, 2003).

Para que um determinado sistema de cruzamento seja adotado, é fundamental que ele seja capaz de: elevar e manter elevados os índices produtivos, em relação àquele em que se utilizam raças puras, o que pode ser realizado por meio da utilização de níveis de heterozigose adequados e minimizando as perdas por recombinação; provocar melhoria da relação custo-benefício; ser aplicável em condições de campo; e atender aos interesses do produtor, que irá adotá-lo em sua propriedade.

Os animais provenientes de cruzamentos entre duas ou mais raças servem como ligações entre as populações parentais de raças puras, gerando, assim, populações multirraciais simples, formadas por animais puros e cruzados (Elzo & Borjas, 2004). O desenvolvimento de populações multirraciais depende, incondicionalmente, da identificação do potencial genético dos animais puros e dos cruzados, utilizados como reprodutores. A identificação do potencial genético dos animais para uma ou mais características de interesse e a classificação dos mesmos, de modo a possibilitar a escolha dos melhores, pode ser realizada por meio de avaliações genéticas.

Um passo fundamental para a realização de avaliações genéticas é a identificação do modelo mais adequado para a análise dos dados disponíveis, de modo que os efeitos genéticos (aditivos e não-aditivos) e

ambientais (por exemplo: idade da vaca ao parto e grupo de contemporâneos) sejam estimados, com o menor erro possível.

2.1. Avaliações Genéticas

A utilização de avaliações genéticas, pelo menos de maneira subjetiva, foi iniciada há milhares de anos. A partir do momento em que o homem percebeu que as diferentes espécies de animais lhe poderiam ser úteis para, por exemplo, alimentação, transporte e trabalho, iniciou-se o processo de avaliação e seleção dos animais, que melhor atendiam às suas necessidades. Todavia, a utilização racional dos dados de desempenho dos animais começou a ser realizada a partir de 1930 (Martins, 1994).

Por volta da década de 1920, os conhecimentos existentes a respeito dos mecanismos de herança, de genética de populações e aqueles advindos das ciências exatas, como a correlação e a regressão, foram fundamentais para o início dos estudos de avaliação genética. Um dos principais pesquisadores envolvidos com o início e desenvolvimento das metodologias de avaliação genética foi o Dr. Jay Laurence Lush (1896 - 1982). Parte do sucesso do Dr. Lush, na área de avaliação genética, advém do fato de ele ter visualizado os problemas de genética de um ponto de vista estatístico. Também foi nessa época que iniciou-se o registro dos dados de produção de animais pertencentes a rebanhos comerciais.

Uma das primeiras tentativas de avaliação do mérito genético de reprodutores foi apontada em Lush (1931). Neste artigo, foi proposto um método objetivo, baseado no modelo de *path coefficients* de Wright, para avaliação de reprodutores, por meio do cálculo da correlação entre o genótipo do reprodutor e a média de produção de um determinado número de filhas (teste de progênie), para casos em que as filhas estivessem distribuídas em um ou mais rebanhos. Nesse método, assumia-se que os acasalamentos eram realizados ao acaso e que os machos e as fêmeas não eram relacionados entre si. Para a obtenção de resultados satisfatórios, também era necessário que as condições de manejo entre lotes (dentro do mesmo rebanho) e entre rebanhos fossem padronizadas e, ou que fatores de correção adequados fossem utilizados. Além disso, era necessário o

conhecimento da contribuição do reprodutor e do ambiente para a determinação do fenótipo das progênes. Para aquela época, a obtenção de fatores de correção ainda era uma tarefa complicada, enquanto a consideração completa dos dados genealógicos era praticamente impossível.

Índices também foram utilizados para representar o valor genético de reprodutores, principalmente para touros de raças leiteiras e galos. Uma das maneiras de se obter esses índices era por meio da utilização das médias das produções das filhas e das mães dessas filhas, porém, poderiam ser utilizadas outras formas, bem como outras fontes de informação (Lush, 1937). Em geral, as produções precisavam ser ajustadas para os efeitos de ambiente e, em seguida, as médias e os índices eram calculados. Neste caso, a necessidade de ajustar as observações era um entrave e, então, surgiram os métodos de comparação entre as companheiras de rebanhos e entre as contemporâneas.

Para a comparação entre as companheiras de rebanhos, eram utilizados os dados de todas as produções disponíveis das fêmeas do mesmo rebanho, enquanto para a comparação entre as contemporâneas utilizavam-se apenas os dados das primeiras produções dos animais, mantidos sobre as mesmas condições ambientais. Portanto, o método de comparação entre as contemporâneas era mais acurado que o de companheiras de rebanho. O método modificado das contemporâneas foi proposto, para incorporar os efeitos, que não eram considerados de maneira adequada no método das companheiras de rebanho (Pereira, 2004).

No método modificado das contemporâneas, as primeiras produções das filhas de um reprodutor são comparadas com as primeiras produções das contemporâneas e com as posteriores produções das companheiras de rebanho, com ênfase maior às primeiras. Produções posteriores são comparadas com as mesmas das companheiras de rebanho e com as médias das primeiras produções das contemporâneas, atribuindo-se maior peso às produções posteriores (Pereira, 2004). Este método foi utilizado para realização de avaliações genéticas de bovinos de leite, em nível nacional, no Brasil (Costa, 1998).

Antes da primeira metade do século XX, com o surgimento e com a disseminação da inseminação artificial, foi possível aumentar o número de rebanhos, em que um reprodutor tinha progênie. Assim, como as condições ambientais em cada rebanho eram únicas, foi necessário o desenvolvimento de um método capaz de comparar os reprodutores em condições semelhantes, de modo que as diferenças obtidas entre os animais fossem de caráter genético. O método, então utilizado, foi o de quadrados mínimos.

Durante as décadas de 1950 e 1960, parte das pesquisas na área de avaliação genética animal foi realizada, aplicando-se a técnica de quadrados mínimos para dados de classificação cruzada com número diferente de observações nas subclasses, desenvolvida em 1934 por Yates (Henderson, 1974). O método de quadrados mínimos possibilitou que os dados provenientes de animais, submetidos a diferentes condições ambientais (por exemplo: rebanho, manejo e ano) fossem analisados, simultaneamente. No entanto, este método apresenta limitações, como: com sua utilização, os valores genéticos dos animais são considerados fixos; as funções de predição nem sempre são estimáveis; e, dependendo do nível de desbalanceamento dos dados, alguns indivíduos podem ter seus valores genéticos sub ou superestimados (Henderson, 1974).

Na prática, a capacidade de gerar lucro de um animal não é determinada, apenas, por seu valor fenotípico para uma única característica, mas pelo conjunto de genes que ele possui e que é responsável pela expressão de um número maior de características. Foi baseado nisso que Hazel (1943) apresentou as bases para a construção de índices de seleção. Os índices de seleção são construídos, no sentido de maximizar a correlação entre o índice e o valor agregado de um animal, que é a soma do valor genético aditivo de seus vários genótipos (considerando que cada genótipo determina a expressão de uma característica), ponderados pela importância econômica de cada característica. A utilização de índices, como o apresentado por Hazel (1943), para a identificação dos animais que serão pais da geração seguinte, permite a otimização do ganho econômico no rebanho, submetido à seleção, em vez da maximização do progresso genético para características isoladas.

Com a utilização de índices de seleção é possível que, além dos dados fenotípicos de duas ou mais características, sejam utilizados os dados fenotípicos de parentes. Neste último caso, em vez da utilização de ponderadores econômicos, as ponderações são realizadas com base nos coeficientes de parentesco entre os animais envolvidos (Hazel, 1943). Assim, foi possível o início da utilização dos dados de parentes, de forma mais elaborada, para obter avaliação mais acurada do valor genético dos animais. Um dos inconvenientes deste método é que, para ser aplicado, é necessário o conhecimento de (co)variâncias genéticas e fenotípicas, além dos ponderadores econômicos. Atualmente, com os métodos disponíveis para obtenção de componentes de (co)variâncias, parece que o maior problema consiste na determinação dos ponderadores econômicos, que são dependentes do sistema de produção considerado.

Outro grande passo para o desenvolvimento das metodologias de avaliação genética foi dado pelo Dr. Charles Roy Henderson (1911 - 1989). Uma parte considerável das pesquisas do Dr. Henderson foi realizada no sentido de combinar o método de quadrados mínimos com o método do índice de seleção, por meio da utilização de modelos mistos para dados desbalanceados. Essas pesquisas, iniciadas em 1949, foram responsáveis pelo surgimento da metodologia de Modelos Mistos (MM), que fornece soluções do tipo BLUE (Melhor Estimador Linear Não-Viesado) para os efeitos fixos e do tipo BLUP (Melhor Preditor Linear Não-Viesado), para os valores genéticos dos animais (Henderson et al., 1959; Henderson, 1963). Atualmente, a metodologia de MM é a mais utilizada para a realização de avaliações genéticas no mundo e, dada a sua importância, será apresentada em mais detalhes a seguir.

2.2. A Metodologia de Modelos Mistos

Henderson (1963) demonstrou que os BLUPs (\hat{a}) para os valores genéticos dos animais podem ser, diretamente, obtidos por

$$\hat{a} = C'V^{-1}(y - X\beta^0), \quad [2.1]$$

em que: C é uma matriz de covariâncias entre as observações e os valores genéticos; V é uma matriz de (co)variâncias das observações; y é um vetor

com os dados fenotípicos; X é a matriz de incidência dos efeitos fixos; e β^0 é uma solução de quadrados mínimos generalizados para os efeitos fixos, que pode ser obtida por meio de

$$\beta^0 = (X'V^{-1}X)^{-1} X'V^{-1}y. \quad [2.2]$$

Conforme se observa, para obtenção de \hat{a} e β^0 , é necessária a inversão da matriz V , que exige grande esforço computacional, indisponível na época. Então, como alternativa para a obtenção dos BLUPs dos valores genéticos, sem a inversão da matriz V , foram utilizadas as equações de MM. Tal metodologia foi apresentada em Henderson et al. (1959). A seguir, apresenta-se uma descrição dos passos para obtenção do sistema de equações de Modelos Mistos, segundo Henderson et al. (1959) e Martins et al. (1997).

Considere, inicialmente, o seguinte modelo para h características:

$$y_{hij} = \mu_h + a_{hi} + f_{hj} + e_{hij}, \quad [2.3]$$

em que: y_{hij} representa o valor fenotípico da característica h do animal i , submetido ao nível j de efeitos fixos; μ_h representa a constante inerente a todas as observações da característica h ; a_{hi} representa o valor genético do animal i para a característica h ; f_{hj} representa o efeito do nível j de efeitos fixos sobre a característica h ; e e_{hij} representa o erro aleatório associado a cada observação da característica h . Considerando-se todas as observações simultaneamente, o modelo pode ser escrito da seguinte forma matricial:

$$y = X\beta + Za + e, \quad [2.4]$$

em que: y representa o vetor contendo nh observações (n = número de observações); X representa a matriz de incidência dos efeitos fixos, com nh linhas e ph colunas (p = níveis de efeitos fixos); β , o vetor de efeitos fixos ($ph \times 1$); Z representa a matriz de incidência dos efeitos aleatórios ($nh \times nh$); a representa o vetor de efeitos aleatórios ($nh \times 1$); e e representa o vetor de resíduos ($nh \times 1$). Dessa forma e assumindo que

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} ZGZ'+R & ZG & R \\ & GZ' & G & \Phi \\ & R & \Phi & R \end{bmatrix} \right\},$$

em que: $G = A \otimes G_0$, sendo A uma matriz $n \times n$, que indica o grau de parentesco entre os indivíduos e G_0 uma matriz $h \times h$ de (co)variâncias genéticas entre as h características; $R = I \otimes R_0$, sendo I uma matriz identidade $n \times n$ e R_0 uma matriz $h \times h$ de (co)variâncias residuais entre as h características; Φ representa uma matriz nula; e 0 representa um vetor nulo, a obtenção de β^0 e \hat{a} pode ser realizada, maximizando a função densidade de probabilidade conjunta de y e a , $f(y, a)$, em relação a β e a .

$f(y, a)$ pode ser descrita como o produto da função densidade de probabilidade condicional de y , dado a , $f(y|a)$, pela função densidade de probabilidade de a , $f(a)$, como se segue:

$$f(y, a) = \frac{1}{\sqrt{(2\pi)^{\text{posto}(R)} |R|}} \exp\left\{-\frac{1}{2} (y - X\beta - Za)' R^{-1} (y - X\beta - Za)\right\} \\ \times \frac{1}{\sqrt{(2\pi)^{\text{posto}(G)} |G|}} \exp\left\{-\frac{1}{2} (a - 0)' G^{-1} (a - 0)\right\}. \quad [2.5]$$

Aplicando transformação logarítmica em $f(y, a)$ tem-se

$$L = -\frac{(\text{posto}(R) + \text{posto}(G)) \times \ln(2\pi)}{2} - \frac{\ln|R| + \ln|G|}{2} - \frac{y' R^{-1} y}{2} + \frac{2y' R^{-1} X\beta}{2} + \\ \frac{2y' R^{-1} Za}{2} - \frac{2\beta' X' R^{-1} Za}{2} - \frac{2\beta' X' R^{-1} X\beta}{2} - \frac{a' Z' R^{-1} Za}{2} - \frac{a' G^{-1} a}{2}.$$

Então, derivando-se L em relação à β' e a e tornando tais derivadas identicamente nulas, tem-se

$$\frac{\partial L}{\partial \beta'} = X' R^{-1} y - X' R^{-1} Z\hat{a} - X' R^{-1} X\beta^0;$$

$$\frac{\partial L}{\partial a} = Z' R^{-1} y - Z' R^{-1} X\beta^0 - Z' R^{-1} Z\hat{a} + G^{-1} \hat{a}; \mathbf{e}$$

$$\begin{bmatrix} \frac{\partial L}{\partial \beta'} \\ \frac{\partial L}{\partial \hat{a}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y - X'R^{-1}Z\hat{a} - X'R^{-1}X\beta^0 \\ Z'R^{-1}y - Z'R^{-1}X\beta^0 - Z'R^{-1}Z\hat{a} - G^{-1}\hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}.$$

Fazendo algumas manipulações no sistema tem-se

$$\begin{aligned} \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix} &= \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} X'R^{-1}X\beta^0 + X'R^{-1}Z\hat{a} \\ Z'R^{-1}X\beta^0 + Z'R^{-1}Z\hat{a} + G^{-1}\hat{a} \end{bmatrix} \\ \begin{bmatrix} X'R^{-1}X\beta^0 + X'R^{-1}Z\hat{a} \\ Z'R^{-1}X\beta^0 + Z'R^{-1}Z\hat{a} + G^{-1}\hat{a} \end{bmatrix} &= \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix} \\ \begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta^0 \\ \hat{a} \end{bmatrix} &= \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}, \end{aligned} \quad [2.6]$$

que é o sistema de equações de Modelos Mistos.

Considerando

$$Z'R^{-1}y - Z'R^{-1}X\beta^0 - Z'R^{-1}Z\hat{a} - G^{-1}\hat{a} = 0,$$

tem-se

$$\begin{aligned} Z'R^{-1}X\beta^0 + Z'R^{-1}Z\hat{a} + G^{-1}\hat{a} &= Z'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}Z\hat{a} + G^{-1}\hat{a} &= Z'R^{-1}y - Z'R^{-1}X\beta^0 \\ (Z'R^{-1}Z + G^{-1})\hat{a} &= Z'R^{-1}y - Z'R^{-1}X\beta^0 \\ \hat{a} &= (Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}(Z'R^{-1}y - Z'R^{-1}X\beta^0) \\ \hat{a} &= (Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}(y - X\beta^0), \end{aligned} \quad [2.7]$$

que é o BLUP de a .

Para a obtenção de β^0 por meio do sistema de equações de Modelos Mistos, basta substituir \hat{a} em

$$X'R^{-1}y - X'R^{-1}Z\hat{a} - X'R^{-1}X\beta^0 = 0.$$

A solução β^0 pode ser obtida da seguinte maneira:

$$\begin{aligned} X'R^{-1}X\beta^0 + X'R^{-1}Z\hat{a} &= X'R^{-1}y \\ X'R^{-1}X\beta^0 + X'R^{-1}Z\left[(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}(y - X\beta^0)\right] &= X'R^{-1}y \\ X'R^{-1}X\beta^0 + X'R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}y & \\ - X'R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}X\beta^0 &= X'R^{-1}y \\ X'R^{-1}X\beta^0 - X'R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}X\beta^0 & \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
&= X'R^{-1}y - X'R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}y \\
X' &\left[R^{-1} - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1} \right] X\beta^0 \\
&= X' \left[R^{-1} - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1} \right] y.
\end{aligned}$$

Para provar que estas equações fornecem os mesmos resultados obtidos com [2.1], Henderson et al. (1959) demonstraram que

$$V^{-1} = (Z'GZ + R)^{-1} = R^{-1} - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}, \quad [2.8]$$

e que

$$C'V^{-1} = (Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1}. \quad [2.9]$$

Segundo Martins (1994), esta forma alternativa para obtenção dos BLUPs dos valores genéticos reduz o esforço computacional por que: tanto a matriz G^{-1} quanto a matriz R^{-1} podem ser obtidas por $A^{-1} \otimes G_0^{-1}$ e $I \otimes R_0^{-1}$, respectivamente; e apesar da matriz $(Z'R^{-1}Z + G^{-1})$ ser de grandes dimensões e não diagonal, a obtenção de sua inversa pode ser feita, utilizando-se métodos iterativos, como os apresentados por Lopes et al. (1999). Também existem algoritmos eficientes para obtenção de A^{-1} , como aquele apresentado por Quaas (1976).

A solução β^0 fornecida por este sistema, também, é uma solução de quadrados mínimos generalizados, utilizando-se um modelo que ignora a e, sob normalidade, β^0 também é um estimador de máxima verossimilhança de β (Henderson et al., 1959).

Para a obtenção dos BLUPs dos valores genéticos, diretamente ou por meio de MM, assume-se que os componentes de (co)variância são conhecidos. Como, na prática, eles são desconhecidos, utilizam-se métodos para obtenção destes componentes e, posteriormente, eles são utilizados no sistema de equações de Modelos Mistos para a obtenção dos BLUPs. O método mais utilizado, atualmente, para a estimação dos componentes de (co)variância é o da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), descrito por Patterson & Thompson (1971).

Desde a década de 1980, métodos Bayesianos também têm sido propostos, como alternativas para a realização das avaliações genéticas (Gianola & Fernando, 1986). Os métodos Bayesianos, em geral, levam a

fórmulas nas quais múltiplas integrais deveriam ser resolvidas, para se obter as distribuições marginais *a posteriori* utilizadas e, este foi, durante algum tempo, um dos fatores que impediram a disseminação deste método para a realização de avaliações genéticas. Quando os métodos MCMC (Monte Carlo via Cadeias de Markov) foram sugeridos, para estimar distribuições marginais *a posteriori*, os problemas foram solucionados e a utilização da inferência Bayesiana começou a ser disseminada. Com o aumento constante do volume de dados para análise e da utilização de modelos mais complexos (por exemplo: modelos não-lineares e modelos com efeitos genéticos não-aditivos), a utilização dos métodos Bayesianos parece ser uma alternativa interessante para realização de avaliações genéticas e alguns autores já têm utilizado métodos baseados em MCMC para avaliações genéticas de bovinos, principalmente de populações multirraciais (Cardoso & Tempelman, 2004; Cardoso et al., 2005).

2.3. Populações Multirraciais

A utilização de raças compostas é uma alternativa para se obter desempenho animal satisfatório, sob determinado tipo de ambiente e manejo. As raças compostas são obtidas do cruzamento de raças, sendo que, após obtida a composição genética desejada, são realizados acasalamentos *inter se* e inicia-se o processo de seleção (Alencar & Barbosa, 2003), semelhante ao que acontece em uma raça pura. Neste sentido, os animais que apresentam a composição genética estabelecida podem ser registrados e passam a fazer parte de uma raça. A utilização conjunta dos dados de desempenho de animais das raças parentais e de animais cruzados possibilita a comparação entre animais de diferentes composições genéticas (Klei et al., 1996) e pode contribuir para a melhoria da acurácia em avaliações genéticas e para o sucesso dos programas de melhoramento genético animal.

Sob um ponto de vista mais abrangente, os animais de raças compostas podem ser considerados como parte de populações multirraciais. Populações multirraciais são formadas por animais de raças puras e seus cruzamentos. Nas populações multirraciais, pais e mães podem ser de qualquer composição racial (Elzo & Borjas, 2004). Várias populações

compostas por duas, ou mais, raças encontram-se em desenvolvimento e avaliação no Brasil como, por exemplo, Aquitânia, Braford, Brangus-Ibagé, Canchim, Montana Tropical, Purunã, Red Norte e Simbrasil e outras (Alencar & Barbosa, 2003; Euclides Filho & Figueiredo, 2003). Entre estas, a raça Canchim merece destaque, em função do trabalho de pesquisa planejado para sua formação e das pesquisas realizadas para o seu desenvolvimento.

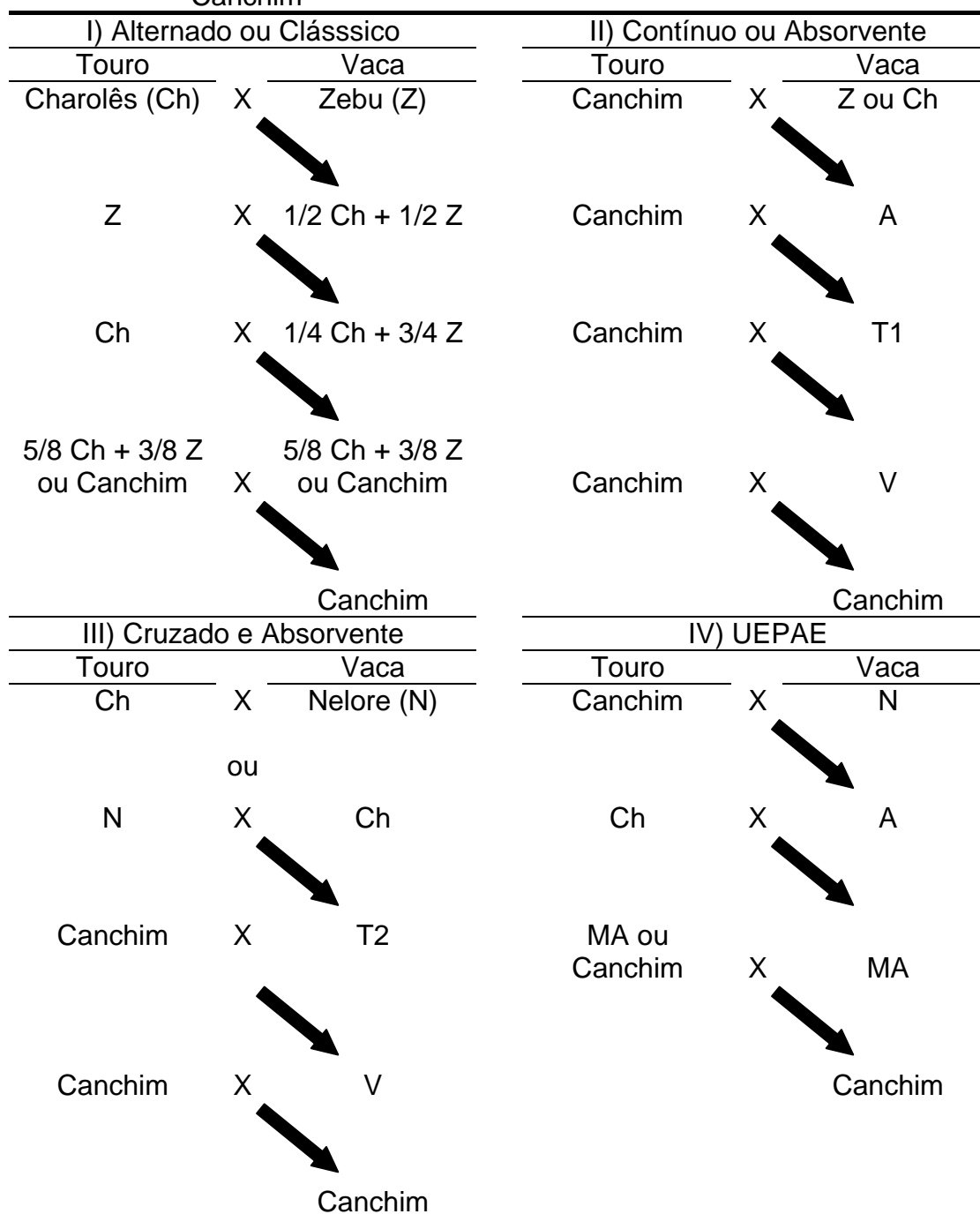
A formação e o desenvolvimento da raça Canchim resultam de um trabalho experimental, iniciado em 1940, o primeiro realizado no Brasil, idealizado para a obtenção de um tipo de gado de corte que pudesse reunir, em sua constituição biológica, as qualidades do gado zebuino (rusticidade, adaptação aos trópicos) e do gado europeu (precocidade, rendimento econômico). Este trabalho começou a ser realizado na Fazenda Canchim, município de São Carlos - SP. Foram utilizados bovinos da raça Charolesa, por se tratar de uma raça de grande rendimento e pela disponibilidade de animais na época da realização do projeto. A base zebuina utilizada constituiu-se de animais das raças Indubrasil (maioria), Nelore e Guzerá. O plano de trabalho foi organizado, visando à realização de cruzamento alternado para obter animais com, aproximadamente, $5/8$ de alelos de origem Charolesa e $3/8$ de alelos de origem zebuina ($5/8$ Ch + $3/8$ Z), assim como animais com, aproximadamente, $3/8$ de alelos de origem Charolesa e $5/8$ de alelos de origem zebuina ($3/8$ Ch + $5/8$ Z) e verificar qual o esquema mais indicado na prática (Vianna et al., 1962).

De acordo com Vianna et al. (1962), os produtos $5/8$ Ch + $3/8$ Z apresentaram melhores qualidades de peso, conformação, precocidade e rendimento em pastagens, enquanto os bi-mestiços $5/8$ Ch + $3/8$ Z (produtos do acasalamento de animais $5/8$ Ch + $3/8$ Z, *inter se*) também apresentaram muita precocidade, ótima conformação para corte, boa aptidão para realização do pastejo, resistência ao calor e aos ectoparasitos, bem como fenótipos semelhantes ao dos animais $5/8$ Ch + $3/8$ Z. Dessa forma, esses animais foram escolhidos para compor o grupo genético Canchim, que foi reconhecido como tipo, em 1972 e como raça em 1983.

Com o passar do tempo, a raça Canchim foi difundida no Brasil, ocupando espaço na pecuária nacional, sendo que, atualmente, é uma das raças compostas mais utilizadas em sistemas de produção de carne,

principalmente pelo cruzamento de touros Canchim com vacas Zebu. Assim, para atender ao mercado comprador de touros, é importante que os criadores de bovinos da raça Canchim trabalhem no desenvolvimento da raça, produzindo touros capazes de transmitir para seus filhos grande potencial de ganho em peso, sempre pensando nas condições climáticas do Brasil e no mercado consumidor de carne. Neste sentido, a Associação Brasileira de Criadores de Canchim (ABCCAN) adotou estratégias interessantes, tais como: manter o livro de registro genealógico aberto; e permitir a utilização de diferentes esquemas de acasalamentos para a obtenção dos animais Canchim. Com isso, os progressos genéticos obtidos na raça Charolesa e nas raças Zebuínas podem ser incorporados ao rebanho Canchim, contribuindo para a evolução da raça. Na Tabela 2.1 são apresentados os esquemas de cruzamento, aceitos pela ABCCAN para a formação do gado Canchim.

Tabela 2.1 - Esquemas de acasalamento para a formação do gado Canchim



Fonte: CPPSE (2006).

As avaliações genéticas dos bovinos da raça Canchim têm sido realizadas por meio de MM, considerando-se as diferenças entre os grupos genéticos, porém, assumindo homogeneidade de (co)variâncias (ABCCAN-EMBRAPA-Genepus, 2004). Em populações multirraciais, os efeitos genéticos não-aditivos entre raças, que podem ser importantes para algumas características em algumas combinações de raças, assim como a

heterogeneidade de (co)variâncias são aspectos que devem ser levados em consideração nas avaliações genéticas (Elzo & Borjas, 2004).

2.4. Efeitos Genéticos que Influenciam o Desempenho dos Animais

O fenótipo de um animal (P), para uma característica qualquer, pode ser representado por uma combinação linear dos efeitos de seus genes (G), dos efeitos ambientais (E) e da interação entre estes dois componentes (GE), ou

$$P = G + E + GE. \quad [2.10]$$

Na avaliação genética multirracial, é importante que o valor genético de um indivíduo, que contribui para determinação do seu fenótipo, seja dividido em valor genético aditivo e valor genético não-aditivo.

O valor genético aditivo resulta do somatório das médias dos efeitos dos alelos, que um indivíduo possui em cada locus, considerando-se todos os loci, e a maneira mais conveniente para ser expresso é como desvio em relação à média da população (Falconer & Mackay, 1996); também podem ser considerados como os efeitos transmissíveis para a descendência. Considerando um locus com dois alelos (A e a), as diferenças dadas por $\frac{1}{2}(AA - aa)$ e $Aa - aa$ representam o efeito da substituição do alelo A pelo alelo a . Os efeitos de substituição também podem ser obtidos para os loci com mais de dois alelos. Na prática, as diferenças esperadas na progênie (DEPs), que são apresentadas nos catálogos de touros, representam a metade do valor genético aditivo de um animal.

A seleção é um procedimento, que visa à melhoria da média do valor genético aditivo de uma população e consta da escolha dos indivíduos, com base (ou não) nos valores genéticos aditivos, que serão pais da geração seguinte. Os ganhos genéticos, obtidos por meio da seleção são cumulativos e dependentes da acurácia da avaliação genética, entre outros fatores. Embora, na prática, esses ganhos sejam inferiores aos ganhos teóricos possíveis, eles têm sido importantes para melhoria dos índices produtivos dos rebanhos brasileiros.

Na avaliação genética multirracial, o valor genético aditivo total de um indivíduo pode ser representado por uma parte fixa, sendo esta uma combinação linear dos produtos entre as proporções das diferentes raças representadas no indivíduo e os efeitos genéticos aditivos de cada raça, e por uma parte aleatória, ou seja, a diferença entre o valor genético do indivíduo e a média do grupo genético ao qual ele pertence (Arnold et al., 1992).

Os efeitos genéticos não-aditivos são resultantes de interações entre alelos. A dominância completa é um tipo de interação entre os alelos de um mesmo locus em que, na sua presença, não é possível observar diferença significativa entre o fenótipo dos indivíduos heterozigotos e dos homozigotos portadores dos alelos dominantes (Falconer & Mackay, 1996). Em geral, a dominância ocorre em situações em que o locus em questão é responsável pela produção de alguma enzima envolvida em um sistema multi-enzimático, de maneira que a alteração na funcionalidade de uma única enzima tem pouca influência sobre o coeficiente de sensibilidade e é imperceptível (Kacser & Burns, 1981). Segundo esses autores, a relação entre o número de alelos 'normais', em um determinado locus, e o fenótipo pode ser não-linear e, assim, seria difícil mensurar a diferença entre os fenótipos dos indivíduos, que possuem dois ou apenas um alelo normal.

De acordo com a descrição de Kacser & Burns (1981), a dominância (D) pode ser calculada, como

$$D = \frac{WIL - HET}{WIL - MUT}, \quad [2.11]$$

em que: WIL se refere à média dos fenótipos dos indivíduos portadores de dois alelos normais, dominantes; HET se refere à média dos fenótipos dos indivíduos heterozigotos; e MUT se refere à média dos fenótipos dos indivíduos portadores dos alelos mutantes, ou recessivos. Na prática, valores de D próximos, ou iguais, a zero são freqüentemente encontrados, o que justifica, pelo menos de maneira simplificada, a utilização do termo alelo recessivo (Kacser & Burns, 1981) e a existência de dominância.

A sobredominância é outro tipo de interação entre os alelos de um mesmo locus em que, na sua presença, o fenótipo dos indivíduos heterozigotos é superior àquele dos homozigotos (Falconer & Mackay,

1996). De acordo com o trabalho de revisão, realizado por Barbosa (1995), a sobredominância envolve um tipo de função fisiológica, tal que o heterozigoto desempenha uma determinada função mais eficientemente que qualquer um dos homozigotos, numa amplitude maior de ambientes e condições. Ainda de acordo com o autor, cada um dos alelos em um locus heterozigoto pode desempenhar uma função diferente e a soma de seus diferentes produtos seria superior ao produto simples de qualquer um dos alelos no estado homozigoto, sendo que a superioridade do heterozigoto poderia ser explicada pelo fato de o heterozigoto produzir uma quantidade intermediária de certo produto sendo, esta quantidade intermediária, ótima para o funcionamento de uma via metabólica.

Apesar de a teoria da sobredominância possuir fundamentações teóricas consistentes, Barbosa (1995) sugere que ela não tem sido utilizada para justificar a presença de efeitos genéticos não-aditivos, pois, ainda não foram encontradas evidências experimentais significativas, que justificassem sua aceitação generalizada pela maioria dos geneticistas. Por outro lado, a possibilidade de interações dentro e entre os locos estarem, ao mesmo tempo, envolvidas não pode ser descartada (Barbosa, 1995) e, assim, a separação entre as partes dos efeitos devidas à sobredominância e à epistasia seria complicada.

A epistasia é uma interação entre alelos de diferentes locos (Barbosa, 1995), sendo que, nesse tipo de interação, o genótipo de um locus afeta a expressão do genótipo de outro locus. Segundo Barbosa (1995), qualquer efeito não-linear entre a heterozigose das progênies resultantes de cruzamento e a heterose (que será definida adiante) para a característica analisada pode ser atribuído à epistasia.

De acordo com Cockerham (1954), a variância devida à epistasia, considerando-se dois locos com dois alelos cada (A e a ; B e b), pode ser dividida em quatro partes, sendo elas atribuídas às interações entre os efeitos: aditivo em A x aditivo em B ; aditivo em A x de dominância em B ; de dominância em A x aditivo em B ; e de dominância em A x de dominância em B .

Trabalhos revisados por Barbosa (1995) sugerem que tanto o declínio no vigor devido à endogamia, em espécies de fertilização cruzada, quanto o

aumento no vigor resultante do cruzamento entre estas espécies seriam evidências do mesmo fenômeno. Além disso, ainda de acordo com os trabalhos revisados por Barbosa (1995), os híbridos podem ser dotados de uma maior homeostase por meio da existência de caminhos genéticos alternativos mais flexíveis, de modo que o heterozigoto seria mais preparado para se adaptar às condições ambientais desfavoráveis.

Como consequência da ação gênica não-aditiva, pode-se destacar a existência da heterose. A heterose pode ser expressa como a diferença entre a média do desempenho dos animais cruzados e a média do desempenho dos puros. Resultados experimentais têm evidenciado heterose significativa e favorável, em características de crescimento, de carcaça e reprodutivas de bovinos provenientes do cruzamento entre animais das raças Charolesa e Nelore (Restle et al., 1999; Vaz & Restle, 2001), corroborando a necessidade de inclusão desses efeitos nas avaliações de populações multirraciais.

Segundo Frish (1987), os animais cruzados, provenientes dos cruzamentos de bovinos de origem européia com aqueles de origem zebuína, apresentam desempenho superior ao dos pais porque possuem elevado potencial para crescimento (proveniente da raça européia) e resistência ao ambiente estressante a que foram submetidos (proveniente da raça zebuína). Todavia, parte dessa superioridade pode ser perdida nas gerações avançadas, evidenciando a necessidade do estudo de sistemas de cruzamento que minimizem esta perda.

De acordo com os trabalhos revisados por Barbosa (1995), existem evidências experimentais que corroboram todas as teorias discutidas anteriormente e, além disso, elas não são mutuamente excludentes porque a heterose, observada em qualquer cruzamento, pode ser atribuída à combinação de várias destas possíveis explicações, em qualquer proporção. Se a média da geração F1, para uma determinada característica, desvia-se da média dos pais, mas está entre as médias de ambos os pais, os genes envolvidos podem ser dominantes ou parcialmente dominantes. Por outro lado, se a média da geração F1 está fora da amplitude das médias dos pais, tanto a sobredominância como a epistasia, ou ambas, são importantes como

causas da heterose; a importância relativa destas causas, contudo, não é conhecida (Barbosa, 1995).

Existem vários tipos de heterose e, segundo Nitter (1978), elas podem ser divididas em:

a) heterose individual - é definida como a diferença entre a média do desempenho de um grupo de indivíduos cruzados e a média dos grupos genéticos de seus pais puros, que não pode ser atribuída aos efeitos paternos, maternos ou ligados ao sexo. Pode ser estimada, comparando-se o desempenho dos animais F1 (incluindo os resultantes de acasalamentos recíprocos) com o desempenho dos grupos genéticos paternos. Considerando o acasalamento de indivíduos das raças *A* e *B*, a heterose individual (h^I) pode ser estimada da seguinte maneira:

$$h^I = \frac{(B \times A) + (A \times B)}{2} - \frac{(A \times A) + (B \times B)}{2}. \quad [2.12]$$

b) heterose materna - é definida como a heterose observada em uma população em função do uso de mães cruzadas em relação à utilização de mães de raças ou linhagens puras. Pode ser estimada, comparando-se fêmeas F1, bem como suas progênes, quando elas são acasaladas com machos puros das raças parentais, machos cruzados ou de uma outra raça. Uma alternativa para a estimação da heterose materna (h^M), considerando-se a utilização de machos de uma terceira raça (*C*), é a seguinte:

$$h^M = \frac{(C \times AB) + (C \times BA)}{2} - \frac{(C \times A) + (C \times B)}{2}. \quad [2.13]$$

c) heterose paterna - refere-se a qualquer diferença, obtida pela utilização de pais cruzados, em vez de pais puros, no desempenho das progênes. Pode ser estimada de maneira semelhante àquela utilizada na estimação da heterose materna. Entretanto, neste caso, utilizam-se machos cruzados e fêmeas puras.

Assim como acontece com o valor genético aditivo total, o valor genético não-aditivo total também pode ser dividido em uma parte fixa e outra aleatória. A primeira representa o efeito fixo de uma particular interação entre as raças do touro e da vaca, enquanto a segunda pode ser representada como um desvio, em relação à média da interação entre as

raças do touro e da vaca, de uma particular interação entre um touro e a raça da vaca, e, ou entre uma vaca e a raça do touro (Arnold et al., 1992).

Técnicas de regressão múltipla têm sido utilizadas por alguns autores, visando à obtenção de soluções para efeitos genéticos não-aditivos, diretos e maternos, sobre características pré-desmama. Trematore et al. (1998) e Roso & Fries (2000), utilizando regressões múltiplas, obtiveram coeficientes de regressão significativos para efeitos genéticos aditivos e não-aditivos, diretos e maternos, sobre características pré-desmama. Este tipo de abordagem possibilita a realização de predições quanto ao desempenho de grupos de animais com diferentes composições raciais, individuais e maternas, mesmo aquelas cujos dados não estão disponíveis, desde que as soluções obtidas sejam confiáveis, e contribui para: planejamento de programas de cruzamento; redução de erros na avaliação de animais cruzados; aproveitamento dos dados dos grupos genéticos disponíveis; e escolha dos grupos genéticos com maiores chances de serem adequados aos sistemas de produção.

Entretanto, em algumas situações, são grandes os erros-padrão obtidos para os coeficientes de regressão, bem como os testes estatísticos não fornecem evidências para a rejeição da hipótese de nulidade (Abdel-Aziz et al., 2003; Carvalheiro et al., 2006). Isto pode ser explicado, parcialmente, pela existência de multicolinearidade entre os coeficientes utilizados para estimar os efeitos aditivos, de dominância e as perdas epistáticas (Roso et al., 2005a, 2005b; Carvalheiro et al., 2006; Pimentel et al., 2006).

Em populações comerciais, os cruzamentos são direcionados para obtenção de grupos genéticos mais adequados aos sistemas de produção. Na prática, isto significa que nem todos os cruzamentos possíveis e necessários para a estimação de efeitos genéticos aditivos e não-aditivos são realizados, dificultando a estimação dos efeitos genéticos em populações multirraciais comerciais. Neste sentido, Rodríguez-Almeida et al. (1997) sugerem a realização de alguns cruzamentos essenciais em rebanhos experimentais, além da análise conjunta desses dados para obtenção de soluções adequadas às avaliações genéticas.

Quando efeitos genéticos aditivos e não-aditivos são responsáveis por parte significativa da variação entre grupos genéticos para uma característica qualquer e a utilização da regressão múltipla não possibilita a obtenção de soluções adequadas para os coeficientes de regressão, a utilização do grupo genético do animal como uma variável classificatória pode ser uma alternativa interessante. Com esta abordagem, não é possível avaliar, isoladamente, os efeitos genéticos que influenciam a expressão da característica, sendo que apenas as soluções para os grupos encontrados na base de dados podem ser obtidas. Todavia, para casos em que o objetivo é apenas considerar os fatores importantes no modelo, ela se apresenta como uma alternativa útil. Assim, a definição da melhor alternativa, para modelar os efeitos genéticos, é um passo fundamental para realização de avaliações genéticas em populações multirraciais.

2.5. Efeitos Ambientais que Influenciam o Desempenho dos Animais

Quando os dados de desempenho animal, para qualquer característica, estão disponíveis para avaliação genética, o primeiro passo consiste em estabelecer modelos adequados à descrição destes. Efeitos ambientais, que influenciam o desempenho dos animais, são incluídos nos modelos para que as diferenças entre indivíduos sejam representações confiáveis dos potenciais genéticos dos mesmos.

Observando a fórmula para obtenção dos BLUPs dos valores genéticos [2.1], nota-se que a não inclusão de fontes de variação significativas em $X\beta^0$, bem como estimativas erradas para os efeitos fixos em β^0 poderão ocasionar alteração das soluções em \hat{a} , alterando o progresso genético.

Os efeitos ambientais que influenciam a expressão de uma característica qualquer e a magnitude desses efeitos dependem da característica em questão. O peso à desmama, por exemplo, é uma característica economicamente importante na maioria dos sistemas de produção de carne bovina. Para o produtor que se dedica, exclusivamente, à venda de bezerros desmamados, o peso à desmama é interessante, pois,

ele pode obter maior valorização dos animais mais pesados. Além disso, o potencial produtivo das vacas pode ser avaliado por meio do peso de suas crias à desmama, possibilitando identificar as vacas que desmamam bezerros mais leves para que sejam, posteriormente, descartadas. O peso à desmama também é importante para os produtores que se dedicam à recria, e, ou à engorda, porque quanto mais pesado for o bezerro à desmama, menor o tempo necessário para que ele atinja o ponto de abate, possibilitando um retorno econômico mais rápido. Para o selecionador, aquele produtor que comercializa reprodutores, a primeira oportunidade para realizar a seleção é na desmama. Nesta fase, os animais que apresentam menor desempenho podem ser comercializados, fornecendo recursos financeiros e disponibilizando áreas para a criação dos animais superiores.

Durante a fase de aleitamento, especialmente no terço inicial da lactação, o leite produzido pela vaca é a principal fonte de nutrientes para o bezerro. A raça, a idade e peso da vaca e a época do parto são fatores, que podem influenciar a produção de leite (Albuquerque et al., 1993; Alencar et al., 1985, 1988, 1996; Alencar, 1987; Cruz et al., 1997; Teodoro et al., 2000), apresentando, assim, reflexo sobre o peso dos bezerros à desmama.

Albuquerque et al. (1993), analisando a produção de leite e o peso à desmama nas raças Caracu, Nelore e Gir, verificaram que a produção de leite e o peso à desmama dos bezerros Caracu foram maiores que aqueles observados na raça Nelore que, por sua vez, foram maiores que aqueles da raça Gir. Trabalhando com vacas Canchim e Nelore, Alencar et al. (1988) e Cruz et al. (1997) observaram maior produção de leite durante a lactação na primeira raça, em relação à segunda.

Alencar et al. (1985) não encontraram efeito significativo da ordem de parição sobre a produção de leite de vacas da raça Canchim. Sugeriram que este resultado foi observado por que as vacas primíparas, utilizadas naquele trabalho, receberam suplementação. Por outro lado, Teodoro et al. (2000) observaram comportamento quadrático da produção total de leite de vacas Guzerá, em função desta variável. A produção de leite de vacas Guzerá aumenta até à maturidade fisiológica, que ocorre em torno de 8,4 anos, reduzindo, gradativamente, com o avanço da idade (Teodoro et al., 2000). A menor produção de leite de vacas jovens, em relação àquelas que estão

atingindo a maturidade fisiológica, pode ser explicada por que os nutrientes ingeridos também precisam ser utilizados para o crescimento corporal, além de serem para a produção de leite, manutenção e gestação (Rumph & Van Vleck, 2004). Nas vacas mais velhas, entretanto, a redução na produção de leite pode ser atribuída, parcialmente, a uma redução na eficiência destas matrizes em converter os nutrientes ingeridos em leite (Rumph & Van Vleck, 2004).

Este comportamento quadrático para a produção de leite, em função da idade da vaca ao parto, também tem sido verificado para o peso dos bezerros à desmama (Bocchi et al., 2004; Toral et al., 2006 e 2007). Os bezerros Nelore criados nas regiões Sudeste, Centro-Oeste, Nordeste e Sul do Brasil, filhos de vacas com idade ao parto entre 8 anos e 10 anos, apresentaram os maiores pesos à desmama, em relação aos filhos de vacas mais jovens ou mais velhas (Bocchi et al., 2004). Este comportamento é esperado por que existe uma correlação fenotípica favorável da produção de leite da vaca com o peso do bezerro à desmama, que pode variar de 0,44 a 0,93 (Albuquerque et al., 1993; Alencar et al., 1996).

O efeito da idade da vaca ao parto sobre o peso do bezerro à desmama também depende do sexo da cria, conforme se observa pelos resultados de Bocchi et al. (2004) e pelos fatores de ajuste apresentados por Rumph & Van Vleck (2004), para diferentes raças criadas nos Estados Unidos.

A curva do efeito da idade da vaca ao parto sobre o peso à desmama é mais acentuada para os machos, enquanto as curvas para as fêmeas são mais planas (Bocchi et al., 2004). Albuquerque et al. (1993), Alencar et al. (1985, 1988) e Cruz et al. (1997) não verificaram efeito do sexo do bezerro sobre a produção de leite das vacas de diferentes raças e, dessa forma, a diferença no comportamento do peso à desmama de machos e fêmeas poderia ser atribuída, pelo menos parcialmente, às diferenças nos potenciais genéticos dos bezerros para crescimento e para o aproveitamento do leite produzido pelas mães (Pelicioni et al., 2002).

A interação entre idade ao parto e raça da vaca também pode ser uma fonte de variação importante para explicar o comportamento do peso à desmama, conforme observado por Massey & Benyschek (1981). Esses

autores verificaram que as diferenças de peso à desmama de bezerros, filhos de vacas Hereford ou Angus com idade entre 3 anos e 9 anos, acasaladas com touros Limousin, foram maiores que as diferenças observadas em filhos de vacas com 2 anos e 10 anos de idade. Diante deste fato, Klei et al. (1996) sugeriram que uma covariável obtida pela multiplicação da idade da vaca ao parto pela sua composição genética (efeitos aditivos e não-aditivos), poderia ser utilizada para análise dos dados pré-desmama em populações multirraciais. Dessa forma, considera-se importante a avaliação do efeito da idade ao parto e do grupo genético da vaca, bem como da interação destes fatores, para a determinação de modelos estatísticos para avaliação genética de bovinos cruzados para a característica peso à desmama.

Uma alternativa para modelagem do efeito da idade da vaca ao parto sobre o peso à desmama consiste em impor uma classificação descontínua, de modo que sejam formadas classes de idades e considerar esta variável como uma variável classificatória, conforme realizado por Massey & Benyshek (1981) e por Alencar et al. (1998). Com o modelo classificatório, assume-se que o efeito é o mesmo para todas as idades ao parto, dentro de cada classe, mesmo existindo variações entre as idades ao parto reais de vacas incluídas na mesma classe. Além disso, pode ocorrer que as soluções para cada classe não sejam diretamente estimáveis.

O efeito da idade da vaca ao parto sobre o peso à desmama também pode ser avaliado, por meio de funções contínuas ao longo do intervalo de idades disponível, de modo que o efeito da idade da vaca ao parto, em qualquer ponto do intervalo, seja estimado. Os polinômios ordinários e os polinômios segmentados pertencem a esta classe de funções contínuas, sendo também utilizados para modelar os efeitos da idade da vaca ao parto em características sob influência materna (Paz et al., 1999; Teixeira & Albuquerque, 2003; Toral et al., 2006 e 2007). Enquanto os polinômios ordinários são representados por funções polinomiais, que descrevem o efeito de uma variável contínua sobre uma variável dependente ao longo de todo o intervalo, os polinômios segmentados são representados por funções definidas para cada 'subintervalo' e que se unem em pontos específicos,

denominados nós. Neste caso, as soluções para os coeficientes de regressão são, geralmente, estimáveis nos modelos lineares.

A idade do bezerro, no momento da desmama, também é um fator determinante de seu peso. Em geral, os bezerros mais velhos são mais pesados à desmama que os mais novos, porque permaneceram mais tempo com suas mães e tiveram mais oportunidade de crescimento. Todavia, para a média do ganho em peso diário ocorre o contrário, pois, bezerros mais velhos apresentam menor média para esta característica, geralmente, porque ocorrem reduções na eficiência de transformação do alimento em peso e no ganho diário com o avançar da idade. Por questões práticas, a desmama geralmente acontece com bezerros de 6 meses a 9 meses de idade, sendo que, para realizar uma comparação adequada entre eles, é necessário que sejam comparados em condições semelhantes, especialmente a idade. Para isso, são sugeridos alguns métodos de ajuste.

A BIF (*Beef Improvement Federation*) sugere que o ajuste do peso à desmama seja realizado, considerando-se a média do ganho em peso diário desde o nascimento até a desmama, mas ressalva que apenas este ajuste linear pode não ser suficiente para isolar o efeito de idade (BIF, 1996). Lôbo & Martins Filho (2002) compararam métodos lineares e não-lineares, para padronização do peso à desmama de bovinos de corte e concluíram que a utilização de funções não-lineares, como as de Richards e de Brody, foram melhores que as funções lineares. Todavia, com dados de campo, é possível que os animais apresentem apenas o peso à desmama, o que impede a utilização de métodos não-lineares e, até mesmo, daqueles métodos lineares que necessitam da média do ganho em peso diário.

Assim, Torres Júnior & Toral (2006) avaliaram, por meio de simulação, alternativas para o ajuste do peso à desmama, em função da idade do bezerro. Eles concluíram que o método que utilizava a média do ganho em peso diário do nascimento à desmama, juntamente com o efeito linear da idade à desmama, proporcionaram os melhores ajustes, em relação aos demais métodos estudados. Também verificaram que no caso de indisponibilidade de dados relativos ao peso ao nascimento, a utilização de uma média representativa para o mesmo, associada à aplicação do método de ajuste anterior, resultou em qualidade de ajuste semelhante.

Outra fonte de variação importante que tem sido incluída nos modelos para análise do peso à desmama, é o grupo de contemporâneos. O grupo de contemporâneos é uma variável classificatória, que pode ser composta pela concatenação das seguintes variáveis: fazenda; ano e época (semestre, trimestre ou mês) de nascimento; sexo do bezerro; tipo de alimentação; grupo de manejo; data de pesagem; e outras variáveis úteis para identificar qualquer tratamento, que os animais tenham recebido ao longo de sua criação. A inclusão desta variável nos modelos de avaliação genética é importante, pois, possibilita comparar o potencial genético de indivíduos mantidos em diferentes condições de criação, bem como sua consideração conjunta reduz problemas de estimabilidade e melhora as propriedades numéricas dos sistemas de equações.

A definição incorreta do grupo de contemporâneos pode proporcionar aumento na variância residual e redução das acurácias associadas aos valores genéticos, prejudicando o progresso genético (Toral et al., 2003). Todavia, a concatenação de muitas variáveis para a formação destes grupos pode elevar o número de grupos e reduzir o número de observações em cada um deles, reduzindo o número efetivo de filhos dos reprodutores e aumentando a variância do erro de predição (Van Vleck, 1987).

O grupo de contemporâneos pode ser incluído no modelo, como sendo um efeito fixo (Toral et al., 2006 e 2007) ou aleatório (Cardoso & Tempelman, 2004; Cardoso et al., 2005). A sua inclusão como efeito aleatório, na metodologia de Modelos Mistos, implica que a esperança das soluções para os valores genéticos contém funções desses efeitos, podendo introduzir viés na avaliação genética. Entretanto, considerá-lo como um efeito fixo, implica que a esperança das soluções para os valores genéticos não incluem funções desses efeitos (Van Vleck, 1987), justificando a utilização desta variável como efeito fixo, conforme observado na maioria dos trabalhos revisados.

Assim, considera-se que o estudo de efeitos genéticos e ambientais, bem como sua modelagem, e a determinação de modelos estatísticos apropriados são passos importantes para a realização de avaliações genéticas consistentes.

2.6. Heterogeneidade de Variâncias

A heterogeneidade pode ocorrer na variância fenotípica ou em qualquer de seus componentes. Em geral, três situações de ocorrência de heterogeneidade de variâncias podem ser discriminadas. A primeira situação é aquela em que há, apenas, heterogeneidade de variâncias residuais, indicando que a fonte de heterogeneidade não afeta as diferenças entre genótipos, mas altera a magnitude dos resíduos. A segunda é aquela em que há, apenas, heterogeneidade de variâncias genéticas, indicando que a fonte de heterogeneidade de variâncias afeta a magnitude das diferenças entre os genótipos, mas não afeta a magnitude dos resíduos. A terceira é aquela em que há heterogeneidade de variâncias genéticas e residuais, indicando que a fonte de heterogeneidade afeta tanto a magnitude das diferenças entre genótipos como dos resíduos (Martins, 2002).

Na prática, geralmente, observam-se correlações positivas tanto entre o valor fenotípico e a variância fenotípica quanto entre as variâncias genéticas e residuais e a variância fenotípica (Torres et al., 2000; Oliveira et al., 2001), dificultando a utilização de dados reais na avaliação dos efeitos das heterogeneidades de variâncias genéticas e, ou residuais sobre os resultados das avaliações genéticas. Portanto, estudos de simulação poderiam contribuir para elucidar as conseqüências da presença de variâncias heterogêneas sobre as avaliações genéticas.

Os processos de formação de raças compostas utilizam, como ferramenta, a seleção e o cruzamento. Para obtenção de sucesso no processo de seleção é necessária, em primeiro lugar, a existência de variação genética entre os indivíduos da mesma raça, sendo que esta variância genética, que é um parâmetro importante para definir a população, pode variar de uma raça para outra. Isto pode ocorrer por que as raças foram submetidas a diferentes processos de seleção, por meio de critérios e intensidades de seleção diferentes. As diferenças entre raças também são importantes para que, com o acasalamento de indivíduos de raças diferentes, elas possam ser aproveitadas por meio da complementaridade. Assim, em populações cruzadas, espera-se a presença de variâncias genéticas heterogêneas, em função da existência de grupos genéticos distintos (Oliveira et al., 2001). Para explicar a existência de variâncias

genéticas específicas para cada grupo genético, componente de uma população multirracial, Lo et al. (1993) propuseram um modelo aditivo, que contempla a variância atribuída à segregação entre as raças.

A variância da segregação pode ser interpretada como sendo o aumento da variância genética aditiva na geração F2, em relação à da geração F1 (Lande, 1981), ou seja, a variância da segregação pode ser atribuída à ocorrência de recombinação dos alelos das diferentes raças parentais, para a formação dos gametas dos pais F1. Em geral, este fenômeno é observado para todos os animais cruzados e para aqueles das gerações avançadas, não apenas nos F1s.

Assumindo-se uma população composta por duas raças puras e por animais cruzados, a variância genética para cada indivíduo pode ser obtida, como

$$\sigma_{a_i}^2 = f_{1i}\sigma_{a_1}^2 + f_{2i}\sigma_{a_2}^2 + 2(f_{1p_i}f_{2p_i} + f_{1m_i}f_{2m_i})\sigma_{s_{12}}^2 + 0,5\text{cov}(a_{p_i}, a_{m_i}), \quad [2.14]$$

em que: $\sigma_{a_i}^2$ representa a variância genética aditiva do indivíduo i ; f_{ji} representa a proporção de alelos de origem da raça j ($j = 1, 2$), presente no indivíduo i ; f_{jp_i} e f_{jm_i} representam os percentuais de alelos de origem da raça j presentes no pai e na mãe do indivíduo i , respectivamente; e $\sigma_{s_{12}}^2$ representa a variância atribuída à segregação entre as raças 1 e 2 (Lo et al., 1993). Adotando-se, como exemplo, uma população multirracial, cujos valores de $\sigma_{a_1}^2$, $\sigma_{a_2}^2$ e $\sigma_{s_{12}}^2$ sejam iguais a 100, 50 e 20, as variâncias genéticas obtidas para alguns grupos genéticos podem ser visualizadas na Tabela 2.2.

Tabela 2.2 - Variâncias genéticas aditivas obtidas para diferentes grupos genéticos, segundo o modelo proposto por Lo et al. (1993)¹

Grupo genético	Variância genética aditiva
P1 (Raça 1)	100,00
3/4 P1 + 1/4 P2	97,50
5/8 P1 + 3/8 P2	88,75
1/2 P1 + 1/2 P2 (F1)	75,00
1/2 P1 + 1/2 P2 (F2)	95,00
3/8 P1 + 5/8 P2	76,25
3/8 P1 + 5/8 P2 (Bi-mestiço)	87,50
1/4 P1 + 3/4 P2	72,50
P2 (Raça 2)	50,00

¹ $\sigma_{a_1}^2$, $\sigma_{a_2}^2$ e $\sigma_{s_{12}}^2 = 100, 50$ e 20 , respectivamente.

Oliveira et al. (2001), analisaram os dados de peso aos 18 meses de idade de alguns grupos genéticos, envolvidos na formação da raça Canchim, considerando esta característica como sendo uma característica diferente, de acordo com o grupo genético. Obtiveram menor variância genética aditiva para o grupo F1, em relação aos grupos 3/4 Ch + 1/4 Z e 5/8 Ch + 3/8 Z. Todavia, as variâncias dos dois últimos grupos não apresentaram o comportamento sugerido pelo modelo aditivo de Lo et al. (1993).

O modelo de Lo et al. (1993) foi utilizado por Cardoso & Tempelman (2004), para obtenção de componentes de variância para o ganho em peso pós-desmama de uma população Nelore-Hereford (N-H). Os autores obtiveram médias *a posteriori* para $\sigma_{a_N}^2$, $\sigma_{a_H}^2$ e $\sigma_{s_{NH}}^2$ iguais a 23,8 kg², 85,2 kg² e 8,4 kg², respectivamente, e para as soluções dos efeitos genéticos aditivos dos reprodutores, sob a pressuposição de homogeneidade de variância residual, demonstrando que o modelo de avaliação genética multirracial com variâncias genéticas heterogêneas pode ser aplicado na análise de dados de campo.

Para a análise do ganho em peso médio diário, no período da desmama ao sobreano e do perímetro escrotal ao sobreano, em uma população multirracial Nelore-Angus, Boligon et al. (2006) incluíram parte dos efeitos genéticos aditivos e não-aditivos como uma variável classificatória (grupo genético) e assumiram homogeneidade de variâncias genéticas aditivas para todos os grupos genéticos. Parece que esta tem sido

a alternativa utilizada no Brasil, para avaliação de algumas populações multirraciais (Ferraz & Eler, 2005).

A análise de dados de populações multirraciais de bovinos de corte, considerando variâncias genéticas específicas para cada grupo genético, tem proporcionado melhores ajustes do que a análise com variâncias homogêneas (Oliveira et al., 2001; Cardoso & Tempelman, 2004). Todavia, as correlações entre as classificações dos reprodutores nestes dois modelos têm variado de 0,87 a 0,95, dependendo da característica e do grupo de animais considerados (Oliveira et al., 2001; Cardoso & Tempelman, 2004).

De acordo com Martins (2002), se existir heterogeneidade de variâncias genéticas e se esta for desconsiderada, os animais criados em ambientes com maior variância teriam seus dados subvalorizados, visto que os dados corrigidos para os efeitos fixos de ambiente têm em sua constituição, proporcionalmente, maior contribuição genética do que a ponderação que lhes estaria sendo aplicada, enquanto os animais criados em ambientes com menor variância teriam seus dados supervalorizados. Com isso, animais com maior número de parentes em ambientes de menor variância tenderiam a ser, equivocadamente, selecionados.

Outra pressuposição, assumida para utilização da metodologia de Modelos Mistos em avaliações genéticas, é a existência de homogeneidade de variâncias residuais entre os níveis de efeitos fixos (Henderson et al., 1959; Martins et al., 1997) o que, na prática, nem sempre é verificado.

A heterogeneidade de variâncias residuais pode ocorrer, por exemplo, entre grupos genéticos (Oliveira et al., 2001; Cardoso et al., 2005), entre classes de desvio-padrão fenotípico (Torres et al., 2000), entre grupos de contemporâneos (Carvalho et al., 2002; Cardoso et al., 2005) e entre regiões de criação (Toral et al., 2004), podendo ser causada por diferenças de padronização de manejo ou diferenças na precisão da coleta de dados (Martins, 2002).

Cardoso et al. (2005), utilizando dados de ganho em peso pós-desmama de uma população multirracial de bovinos, verificaram que os modelos considerando heterogeneidade de variâncias residuais, de acordo com a composição genética e com o grupo de contemporâneos, proporcionaram melhores ajustes que os modelos assumindo

homogeneidade de variância residual. A utilização de modelos com heterogeneidade de variâncias residuais também provocou alterações significativas nos componentes de variância genética e na classificação dos animais, com base nos valores genéticos. Segundo esses autores, as médias *a posteriori* da variância genética aditiva para a raça Nelore foi menor que a obtida para a raça Hereford, enquanto a média *a posteriori* da variância da segregação representou cerca de 35% e 10% das médias para as raças Nelore e Hereford, respectivamente, assumindo distribuição Gaussiana homogênea para os resíduos. Por outro lado, ao assumirem distribuição Gaussiana heterogênea para os resíduos, os autores obtiveram maior média *a posteriori* da variância genética aditiva para a raça Nelore, em relação à raça Hereford, e média *a posteriori* da variância de segregação que representou cerca de 8% e 27% das médias obtidas para as raças Nelore e Hereford, respectivamente.

Se a heterogeneidade de variância residual existir e for desconsiderada, animais criados em ambientes com maior variância teriam seus dados supervalorizados no processo de avaliação (Carvalho et al., 2002; Martins, 2002), visto que os dados corrigidos para os efeitos fixos de ambiente têm em sua composição, proporcionalmente, menor contribuição genética do que a ponderação que lhes estaria sendo aplicada (Martins, 2002). Assim, seria de se esperar redução na resposta à seleção, caso a heterogeneidade de variâncias residuais for ignorada (Carvalho et al., 2002).

Não é possível afirmar que tipo de heterogeneidade de variâncias (genéticas ou residuais), caso seja desconsiderada, provoca maior alteração na resposta à seleção. Há indícios que os problemas do ordenamento incorreto dos animais sejam maiores, quando se ignora a heterogeneidade de variâncias residuais, em relação à heterogeneidade genética, (Cardoso & Tempelman, 2004; Cardoso et al., 2005). Todavia, os maiores problemas poderão resultar, quando se assumem variâncias genéticas e residuais como homogêneas quando, na verdade, ambas forem heterogêneas. Por isso, avaliar a existência de variâncias heterogêneas e, em caso positivo, utilizar metodologias que pressupõem heterogeneidades de variâncias e as

consideram nos processos de estimação dos efeitos fixos e predição dos efeitos aleatórios são recomendadas.

2.7. Avaliações Genéticas na Presença de Variâncias Heterogêneas

Uma alternativa para realização de avaliações genéticas de populações multirraciais, na presença de variâncias heterogêneas, é a utilização de modelos Hierárquicos Bayesianos (HB) por meio de técnicas MCMC (Cardoso & Tempelman, 2004). Os modelos HB consistem de uma série de especificações aninhadas, juntamente com as pressuposições sobre as distribuições associadas às variáveis. Eles proporcionam uma estrutura genérica para abordagem de problemas relativos aos dados de estrutura desbalanceada e com heterogeneidade de variâncias (Sorensen & Gianola, 2002).

Cardoso & Tempelman (2004) utilizaram modelos HB para avaliação genética de uma população multirracial, na presença de heterogeneidade de variância genética. A primeira etapa do modelo HB, utilizado por esses autores, consiste em definir a densidade condicional de amostragem do vetor de dados. Considerando-se o conjunto de dados, analisado por Cardoso & Tempelman (2004), a densidade condicional de amostragem do vetor de dados pode ser representada como

$$y_i | \beta, \gamma, u, a, \sigma_e^2 \sim N(x_{1i}'\beta + x_{2i}'\gamma + z_{1i}'u + z_{2i}'a, \sigma_e^2), i \in S, \quad [2.15]$$

em que: β representa um vetor de efeitos fixos não-genéticos; γ , um vetor de efeitos fixos genéticos, contendo os efeitos aditivos, de dominância e a interação entre os efeitos aditivos de duas raças; u , um vetor de efeitos aleatórios não-genéticos; a , um vetor de efeitos genéticos aditivos de cada animal. x_{1i}' , x_{2i}' , z_{1i}' e z_{2i}' representam vetores linha, conhecidos, sendo que os elementos de x_{2i}' são: 1) f_b , a proporção de alelos da raça b e correspondendo à γ_{A_b} ; 2) $f_{bb'}$, a probabilidade de que para um locus, escolhido ao acaso de um indivíduo i , um alelo fosse proveniente da raça b e o outro da raça b' , e correspondendo a $\gamma_{D_{bb'}}$; e 3) $2f_b f_{b'}$, e

correspondendo a $\gamma_{AA_{bb}}$. σ_e^2 é a variância residual, inicialmente assumida como sendo constante para os diferentes grupos genéticos.

O segundo estágio do modelo HB proposto consiste das especificações a respeito das distribuições *a priori* para as variáveis do modelo. Para os efeitos aleatórios, pode-se assumir que $u|\sigma_u^2 \sim N(0, I_t \sigma_u^2)$ e $a|\varphi \sim N(0, G(\varphi))$ e, para os efeitos fixos, que $\beta|\beta_0, V_\beta \sim N(\beta_0, V_\beta)$ e $\gamma|\gamma_0, V_\gamma \sim N(\gamma_0, V_\gamma)$, em que β_0 , V_β , γ_0 e V_γ representam os hiperparâmetros conhecidos e especificados.

Ao considerar o caso de uma população multirracial (Nelore-Hereford), a matriz de (co)variâncias genéticas aditivas $G(\varphi)$ depende de mais de um parâmetro de dispersão em φ . De acordo com Lo et al. (1993), os elementos de $G(\varphi)$ podem ser computados por um método tabular, com o $i^{\text{ésimo}}$ elemento da diagonal sendo determinado por

$$\sigma_{a_i}^2 = f_{Ni} \sigma_{a_N}^2 + f_{Hi} \sigma_{a_H}^2 + 2(f_{Np_i} f_{Hp_i} + f_{Nm_i} f_{Hm_i}) \sigma_{s_{NH}}^2 + 0,5 \text{cov}(a_{p_i}, a_{m_i}), [2.16]$$

em que: f_{ji} , f_{jp_i} e f_{jm_i} representam, respectivamente, a proporção de alelos de origem da raça j ($j = \text{Nelore e Hereford}$) do animal i , de seu pai e de sua mãe; a_{p_i} e a_{m_i} representam, respectivamente, o efeito genético aditivo do pai e da mãe de i ; $\sigma_{a_N}^2$ e $\sigma_{a_H}^2$ representam, respectivamente, as variâncias genéticas aditivas das raças Nelore e Hereford; e $\sigma_{s_{NH}}^2$ representa a variância atribuída à segregação entre as raças Nelore e Hereford.

Finalmente, no terceiro estágio do modelo HB, proposto por Cardoso & Tempelman (2004), assume-se que as densidades *a priori* para os componentes de variância sejam do tipo χ^2 invertida escalonada. Neste primeiro trabalho, foi assumido homogeneidade de variância residual.

Os métodos de MCMC foram utilizados para realização de inferências sobre as densidades *a posteriori* dos efeitos genéticos e ambientais e, especialmente, sobre as densidades *a posteriori* de $\sigma_{a_N}^2$, $\sigma_{a_H}^2$ e $\sigma_{s_{NH}}^2$.

Posteriormente, Cardoso et al. (2005) consideraram a existência de heterogeneidade de variância genética e avaliaram a utilização das distribuições Gaussiana, t de Student e Slash para a variância residual,

considerando, ou não, heterogeneidade entre grupos genéticos, sexo e grupos de contemporâneos. O modelo estatístico considerado por Cardoso et al. (2005), bem como a modelagem para a variância genética foram semelhantes aos adotados por Cardoso & Tempelman (2004). Todavia, também foi avaliada a possibilidade de ocorrência de variâncias residuais heterogêneas, a partir de

$$y_i = \mu + x_i' \beta + z_i' u + e_i, \quad [2.17]$$

em que: y_i refere-se à observação do indivíduo i ; μ é uma constante geral; β é um vetor de efeitos fixos; u é um vetor de efeitos aleatórios; x_i' e z_i' são vetores linha conhecidos, que conectam y_i aos vetores β e u , respectivamente; e e_i representa o resíduo aleatório, associado a cada y_i . Desta vez, foi assumido que $e_i \sim NID(0, \sigma_{e_i}^2)$, em que $\sigma_{e_i}^2$ representa uma variância residual específica para cada observação y_i .

A variância residual $\sigma_{e_i}^2$ foi modelada, utilizando-se uma função multiplicativa dos efeitos fixos e dos aleatórios, como

$$\sigma_{e_i}^2 = \frac{\sigma_e^2 \left(\prod_{m=1}^o (\gamma_m)^{p_{m_i}} \right) \left(\prod_{k=1}^r \tau_{k(i)} \right) \left(\prod_{l=1}^s v_{l(i)} \right)}{w_i}, i = 1, 2, \dots, n. \quad [2.18]$$

Na fórmula anterior, σ_e^2 representa uma variância residual constante; $\gamma = [\gamma_1 \ \gamma_2 \ \dots \ \gamma_o]$ especifica parâmetros de regressão, que poderiam influenciar a heterogeneidade residual, utilizando informações na forma de covariáveis $p_i = [p_{1_i} \ p_{2_i} \ \dots \ p_{o_i}]$, como tempo de teste, idade da vaca e heterozigossidade; $[\tau_{1(i)} \ \tau_{2(i)} \ \dots \ \tau_{r(i)}]$ especifica os efeitos fixos para os níveis de cada fator r , como sexo e região de criação; $[v_{1(i)} \ v_{2(i)} \ \dots \ v_{s(i)}]$ especifica os efeitos aleatórios para os níveis de cada fator s , como grupo de contemporâneos e efeitos genéticos aditivos diretos; e w_i representa uma variável independente de ponderação, cuja finalidade é identificar o tipo de distribuição assumida.

A modelagem da variância residual foi realizada, assumindo-se diferentes distribuições para w_i , como

$w_i = 1$, quando a distribuição assumida foi a Gaussiana;

$$p(w_i|v_e) = \frac{\left(\frac{v_e}{2}\right)^{\frac{v_e}{2}} w_i^{\frac{v_e}{2}-1} \exp\left(-w_i \frac{v_e}{2}\right)}{\Gamma\left(\frac{v_e}{2}\right)}, i = 1, 2, \dots, n, v_e > 0, w_i > 0, \quad \text{quando a}$$

distribuição assumida foi a t de Student; e

$$p(w_i|v_e) = v_e w_i^{v_e-1}, i = 1, 2, \dots, n, v_e > 0, 0 < w_i \leq 1, \quad \text{quando a distribuição}$$

assumida foi a Slash.

Os resultados, obtidos por Cardoso et al. (2005), indicam que a utilização de variâncias residuais heterogêneas, com distribuição t de Student para os resíduos, foi mais adequada que a utilização dos modelos convencionais, com variância residual homogênea e com distribuição Gaussiana. Além disso, os autores observaram que grupos genéticos, grupos de contemporâneos e, com menor importância, o sexo do animal, foram fontes importantes de heterogeneidade de variância residual.

A utilização de modelos com variâncias genéticas e, ou residuais heterogêneas pode proporcionar alteração significativa na classificação dos animais, com base no valor genético, em relação à utilização de modelos convencionais, que assumem variâncias homogêneas (Cardoso et al., 2005). Dessa forma, a implementação destes modelos deve ser avaliada com outros bancos de dados, antes de sua utilização em larga escala para avaliação de populações multirraciais comerciais.

2.8. Considerações Finais

Com a disseminação dos cruzamentos entre raças bovinas, para a obtenção de genótipos adequados aos sistemas de produção de bovinos de corte, há possibilidade de aumento no número de animais cruzados, envolvidos em programas de melhoramento animal. A demanda por metodologias de avaliação genética, adequadas a esta nova estrutura de dados, acompanhará este crescimento.

Os efeitos ambientais, que influenciam a expressão das características sob avaliação, precisam ser identificados e corretamente

modelados para identificar, com maior precisão, os potenciais genéticos dos candidatos à seleção.

Os efeitos genéticos, aditivos e não-aditivos, que contribuem para a expressão de características de interesse econômico, precisam ser identificados e, corretamente, modelados nas avaliações multirraciais.

As pressuposições assumidas para as avaliações genéticas intraraciais podem não ser verdadeiras para populações multirraciais, especialmente aquelas relacionadas à homogeneidade de variâncias. Assim, é necessário que as metodologias para avaliação genética na presença de variâncias heterogêneas sejam avaliadas e, constantemente, desenvolvidas.

2.9. Literatura Citada

- ABCCAN-Embrapa-Geneplus. **Sumário de touros Canchim, MA e Charolês. Edição Outono / 2004.** Campo Grande: Geneplus Consultoria Agropecuária LTDA, 2004.
- ABDEL-AZIZ, M.; SCHOEMAN, S.J.; JORDAAN, G.F. Estimation of additive, maternal and non-additive genetic effects of preweaning growth traits in a multiplebreed beef cattle project. **Animal Science Journal**, v.74, n.3, p.169-179, 2003.
- ALBUQUERQUE, L.G.; ELER, J.P.; COSTA, M.J.R.P. et al. Produção de leite e desempenho do bezerro na fase de aleitamento em três raças bovinas de corte. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.22, n.5, p.745-754, 1993.
- ALENCAR, M.M. Efeitos da produção de leite sobre o desenvolvimento de bezerros Canchim. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.16, n.1, p.1-13, 1987.
- ALENCAR, M.M. Perspectivas para o melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41., 2004, Campo Grande: **Anais...** Campo Grande: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2004. p.358-367.
- ALENCAR, M.M.; BARBOSA, P.F. Formação de populações compostas. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE CRUZAMENTO DE BOVINOS DE CORTE, 1., 2003, Londrina. **Anais...** Londrina: Instituto Agrônomo do Paraná, 2003. p.37-50.

- ALENCAR, M.M.; JUNQUEIRA FILHO, A.A.; PARANHOS, N.E. Produção de leite em vacas da raça Canchim. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.14, n.3, p.358-366, 1985.
- ALENCAR, M.M.; RUZZA, F.J.; PORTO, E.J.S. Desempenho produtivo de fêmeas das raças Canchim e Nelore. III produção de leite. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.17, n.4, p.317-328, 1988.
- ALENCAR, M.M.; TULLIO, R.R.; CRUZ, G.M. et al. Produção de leite da vaca e desenvolvimento do bezerro em gado de corte. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.25, n.1, p.92-101, 1996.
- ALENCAR, M.M.; TREMATORE, R.L.; OLIVEIRA, J.A.L. et al. Características de crescimento até a desmama de bovinos da raça Nelore e cruzados Charolês x Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.27, n.1, p.40-46, 1998.
- ARNOLD, J.W.; BERTRAND, J.K.; BENYSHEK, L.L. Animal model for genetic evaluation of multibreed data. **Journal of Animal Science**, v.70, n.11, p.3322-3332, 1992.
- BARBOSA, P.F. **Heterose, heterose residual e efeitos da recombinação em sistemas de cruzamento de bovinos**. Sociedade Brasileira de Genética, 1995. p.135-243 (Série monografias, número 2).
- BEEF IMPROVEMENT FEDERATION. **Guidelines for uniform beef improvement programs**. Raleigh: US Department of Agriculture, North Carolina State University, 1996. 155p.
- BOCCHI, A.L.; TEIXEIRA, R.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Idade da vaca e mês de nascimento sobre o peso ao desmame de bezerros nelore nas diferentes regiões brasileiras. **Acta Scientiarum**, v.26, n.4, p.475-482, 2004.
- BOLIGON, A.A.; RORATO, P.R.N.; WEBER, T. et al. Herdabilidades para ganho de peso da desmama ao sobreano e perímetro escrotal ao sobreano e tendências genéticas e fenotípicas para ganho de peso da desmama ao sobreano em bovinos Nelore-Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.4, p.1323-1328, 2006.

- CARDOSO, F.F.; TEMPELMAN, R.J. Hierarchical bayes multiple-breed inference with an application to genetic evaluation of a Nelore-Hereford population. **Journal of Animal Science**, v.82, n.6, p.1589-1601, 2004.
- CARDOSO, F.F.; ROSA, G.J.M.; TEMPELMAN, R.J. Multiple-breed genetic inference using heavy-tailed structural models for heterogeneous residual variance. **Journal of Animal Science**, v.83, n.8, p.1766-1779, 2005.
- CARVALHEIRO, R.; FRIES, L.A.; SCHENKEL, F.S. et al. Efeitos da heterogeneidade de variância residual entre grupos de contemporâneos na avaliação genética de bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p.1680-1688, 2002.
- CARVALHEIRO, R. PIMENTEL, E.C.G.; CARDOSO, V. et al. Genetic effects on preweaning weight gain of Nelore-Hereford calves according to different models and estimation methods. **Journal of Animal Science**, v.84, n.11, p.2925-2933, 2006.
- COCKERHAM, C.C. An extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariances among relatives when epistasis is present. **Genetics**, v.39, n.6, p.859-882, 1954.
- CONFEDERAÇÃO DA AGRICULTURA E PECUÁRIA DO BRASIL. **Indicadores rurais**. Edição janeiro/fevereiro de 2007. Brasília, DF: 2007. 6p.
- COSTA, C.N. Estruturação do arquivo zootécnico nacional - gado de leite e organização do sistema nacional de avaliação genética de gado de leite. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 2., 1998, Uberaba. **Anais...** Uberaba: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 1998. p.59-65.
- CPPSE. Esquemas de acasalamentos para obtenção do Canchim, <http://www.cppse.embrapa.br/cppse/origem.html> (acesso em 02/02/2006).
- CRUZ, G.M.; ALENCAR, M.M.; TULLIO, R.R. Produção e composição do leite de vacas das raças Canchim e Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.26, n.5, p.887-893, 1997.

- ELZO, M.A.; BORJAS, A.R. Perspectivas da avaliação genética multirracial em bovinos no Brasil. **Ciência Animal Brasileira**, v.5, n.4, p.171-185, 2004.
- EUCLIDES FILHO, K.; FIGUEIREDO, G.R. Retrospectiva e perspectivas de cruzamentos no Brasil. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE CRUZAMENTO DE BOVINOS DE CORTE, 1., 2003, Londrina. **Anais...** Londrina: Instituto Agrônomo do Paraná, 2003. p.9-36.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. London: Longman Group Ltd., 1996. 464p.
- FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P. Avaliação genética multirracial de bovinos de corte. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42., 2005, Goiânia. **Anais...** Goiânia: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2005. p.228-234.
- FRISH, J.E. Physiological reasons for heterosis in growth of *Bos indicus* x *Bos taurus*. **The Journal of Agricultural Science**, v.109, n.2, p.213-230, 1987.
- GIANLORENÇO, V.K.; ALENCAR, M.M.; TORAL, F.L.B. et al. Herdabilidades e correlações genéticas de características de machos e fêmeas, em um rebanho bovino da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.6(supl.1), p.1587-1593, 2003.
- GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Science**, v.63, n.1, p.217-244, 1986.
- HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v.28, n.6, p.476-490, 1943.
- HENDERSON, C.R. Selection index and expected genetic advance. In: HANSON, W.D.; ROBINSON, H.F. (Ed.) **Statistical genetics and plant breeding**. Washington, D.C.: National Academy of Sciences, National Research Council, 1963. p.141-163.
- HENDERSON, C.R. General flexibility of linear model techniques for sire evaluation. **Journal of Dairy Science**, v.57, n.8, p.963-972, 1974.
- HENDERSON, C.R. KEMPTHORNE, O.; SEARE, S.R. et al. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, v.15, n.2, p.192-218, 1959.

- KACSER, H.; BURNS, J.A. The molecular basis of dominance. **Genetics**, v.97, n.3-4, p.639-666, 1981.
- KLEI, L.; QUAAS, R.L.; POLLAK, E.J. et al. Multiple breed evaluation. In: BIF ANNUAL RESEARCH SYMPOSIUM & ANNUAL MEETING, 28., 1996, Birmingham. **Proceedings...** Birmingham: Beef Improvement Federation, 1996. p.93-105.
- LANDE, R. The minimum number of genes contributing to quantitative variations between and within populations. **Genetics**, v.99, n.3, p.541-553, 1981.
- LO, L.L.; FERNANDO, R.L.; GROSSMAN, M. Covariance between relatives in multibreed populations: additive model. **Theoretical and Applied Genetics**, v.87, n.4, p.423-430, 1993.
- LÔBO, R.N.B.; MARTINS FILHO, R. Avaliação de métodos de padronização dos pesos corporais às idades de 205, 365 e 550 dias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p.1695-1706, 2002.
- LOPES, P.S.; MARTINS, E.N.; SILVA, M.A. et al. **Métodos de resolução de sistemas de equações lineares**. Universidade Federal de Viçosa, 1999. 55p (Cadernos didáticos, 55).
- LUSH, J.L. The number of daughters necessary to prove a sire. **Journal of Dairy Science**, v.14, n.3, p.209-220, 1931.
- LUSH, J.L. **Animal breeding plans**. 1.ed. Ames: Collegiate Press, INC., 1937. 350p.
- MARTINS, E.N. Uso de modelos mistos no melhoramento animal. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 31., 1994, Maringá. **Anais...** Maringá: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1994. p.25-51.
- MARTINS, E.N. Avaliação genética e heterogeneidade de variância. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39., 2002, Recife. **Anais...** Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002. p.205-214.

- MARTINS, E.N.; LOPES, P.S.; SILVA, M.A. et al. **Uso de modelos mistos na avaliação genética animal**. Universidade Federal de Viçosa, 1997. 121p (Cadernos didáticos, 18).
- MASSEY, M.E.; BENYSHEK, L.L. Interactions involving sires, breed of dam and age of dam for performance characteristics in Limousin cattle. **Journal of Animal Science**, v.53, n.4, p.940-945, 1981.
- MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO - ASSESSORIA DE GESTÃO ESTRATÉGICA. **Projeções do agronegócio Mundial e Brasil 2006/07 a 2016/17**. Brasília, DF: 2006. 61p.
- NITTER, G. Breed utilization for meat production in sheep. **Animal Breeding Abstracts**, v.46, n.3, p.131-143, 1978.
- OLIVEIRA, C.A.L.; MARTINS, E.N.; FREITAS, A.R. et al. Heterogeneidade de variâncias nos grupos genéticos formadores da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.4, p.1212-1219, 2001.
- PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery on inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, n.3, p.545-554, 1971.
- PAZ, C.C.P.; ALBUQUERQUE, L.G.; FRIES, L.A. Efeitos ambientais sobre ganho de peso no período do nascimento ao desmama em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.1, p.55-64, 1999.
- PELICIONI, L.C.; PASCOA, L.; MUNIZ, C.A.S.D. et al. Efeito da idade da vaca e da data juliana de nascimento sobre características pré-desmama de bezerros da raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.1, p.61-70, 2002.
- PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 4.ed. Belo Horizonte: Fundação de Estudo e Pesquisa em Medicina Veterinária e Zootecnia, 2004. 609p.
- PIMENTEL, E.C.G.; QUEIROZ, S.A.; CARVALHEIRO, R. et al. Estimativas de efeitos genéticos em bezerros cruzados por diferentes modelos e métodos de estimação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.3 (supl.), p.1020-1027, 2006.
- QUAAS, R.L. Computing the diagonal elements and inverse of a large numerator relationship matrix. **Biometrics**, v.32, n.4, p.949-953, 1976.

- RESTLE, J.; POLLI, V.A.; SENNA, D.B. Efeito de grupo genético e heterose sobre a idade e peso à puberdade e sobre o desempenho reprodutivo de novilhas de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.34, n.4, p.701-707, 1999.
- RODRIGUEZ-ALMEIDA, F.A.; VAN VLECK, L.D.; GREGORY, K.E. Estimation of direct and maternal breed effects for prediction of expected progeny differences for birth and weaning weights in three multibreed populations. **Journal of Animal Science**, v. 75, n.5, p.1203-1212, 1997.
- ROSO, V.M.; FRIES, L.A. Avaliação das heteroses materna e individual sobre o ganho de peso do nascimento ao desmame em bovinos Angus x Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.3, p.732-737, 2000.
- ROSO, V.M.; SCHENKEL, F.S.; MILLER, S.P. et al. Additive, dominance, and epistatic loss effects on preweaning weight gain of crossbred beef cattle from different *Bos taurus* breeds. **Journal of Animal Science**, v.83, n.8, p.1780-1787, 2005a.
- ROSO, V.M.; SCHENKEL, F.S.; MILLER, S.P. et al. Estimation of genetic effects in the presence of multicollinearity in multibreed beef cattle evaluation. **Journal of Animal Science**, v.83, n.8, p.1788-1800, 2005b.
- RUMPH, J.M.; VAN VLECK, L.D. Age of dam adjustment factors for birth and weaning weight records of beef cattle: a review. **Genetics and Molecular Biology**, v.3, n.1, p.1-17, 2004.
- SORENSEN, D.; GIANOLA, D. **Likelihood, bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics**. 1.ed. New York: Springer, 2002. 740p.
- TEIXEIRA, R.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Efeitos ambientais que afetam o ganho de peso pré-desmama em animais Angus, Hereford, Nelore e mestiços Angus-Nelore e Hereford-Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4, p.887-890, 2003.
- TEODORO, R.L.; MARTINEZ, M.L.; VERNEQUE, R.S. et al. Parâmetros genéticos e fatores de ajuste da produção de leite para o efeito de idade da vaca ao parto na raça Guzerá. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6 (supl.2), p.2248-2252, 2000.
- TORAL, F.L.B.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R. Influência da estrutura dos efeitos fixos sobre a avaliação genética do peso ao desmame de bovinos

- de corte In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., 2003, Santa Maria. **Anais...** Santa Maria: Sociedade Brasileira de Zootecnia/Infovia, [2003] 5p. CD-ROM. Melhoramento Animal. 4-137.
- TORAL, F.L.B.; SILVA, L.O.C.; MARTINS, E.N. et al. Interação genótipo x ambiente em características de crescimento de bovinos da raça Nelore no Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.1445-1455, 2004.
- TORAL, F.L.B.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R. Arranjos para efeitos fixos e estruturas de (co)variâncias residuais para análise de medidas repetidas do peso de bovinos da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.5, p.1951-1958, 2006.
- TORAL, F.L.B.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R. Abordagens frequentista e bayesiana para avaliação genética de bovinos da raça Canchim para características de crescimento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.1, p.43-53, 2007.
- TORRES, R.A.; BERGMANN, J.A.G.; COSTA, C.N. et al. Heterogeneidade de variâncias e avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.4, p.1050-1059, 2000.
- TORRES JÚNIOR, R.A.A.; TORAL, F.L.B. Alternative methods for the adjustment of weaning weights of beef cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Book of abstracts...** Belo Horizonte: Permanent International Committee for World Congresses on Genetics Applied to Livestock Production, 2006. p.67.
- TREMATORE, R.L.; ALENCAR, M.M.; BARBOSA, P.F. et al. Estimativas de efeitos aditivos e heteróticos para características de crescimento pré-desmama em bovinos Charolês-Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.27, n.1, p.87-94, 1998.
- VAN VLECK, L.D. Contemporary groups for genetic evaluation. **Journal of Dairy Science**, v.70, n.11, p.2456-2464, 1987.

- VAZ, F.N.; RESTLE, J. Efeito de raça e heterose para características de carcaça de novilhos da primeira geração de cruzamento entre Charolês e Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.2, p.40-416, 2001.
- VIANNA, A.T.; SANTIAGO, M.; PIMENTEL GOMES, F. **Formação do gado Canchim pelo cruzamento Charolês-Zebu**. 1.ed. Rio de Janeiro: Ministério da Agricultura e Serviço de Informação Agrícola, 1962. 176p.

3. Capítulo 1: Modelagem dos Efeitos de Idade ao Parto e Composição Genética da Vaca Sobre o Peso à Desmama de Bezerros Cruzados Charolês-Zebu

Resumo - Este trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar alternativas para a modelagem do efeito da idade ao parto e sua interação com a composição genética das vacas sobre o peso à desmama de bezerros cruzados Charolês-Zebu. Os dados de 56.965 bezerros foram analisados por meio de modelos estatísticos, considerando-se os efeitos fixos de grupo de contemporâneos, grupos genéticos do touro e da vaca e da idade da vaca ao parto (IVP). O efeito da IVP foi modelado, utilizando-se classes anuais de idade, polinômios ordinários (PO) de ordem quadrática até quártica, ou polinômio segmentado (PS) com dois, três, quatro, seis ou doze intervalos do mesmo tamanho. No caso dos PS consideraram-se os efeitos linear e quadrático no primeiro intervalo e apenas o quadrático nos demais intervalos. Os efeitos da IVP foram considerados aninhados em sexo do bezerro, em todos os casos. Após a escolha do melhor modelo para considerar o efeito da IVP sobre o peso à desmama, realizou-se a comparação de modelos que consideraram o efeito da interação entre a idade ao parto e a composição genética da vaca por meio de uma variável classificatória, ou ajustando-se as curvas das vacas cruzadas a partir de ponderações dos efeitos raciais e heteróticos, em conjunto ou isoladamente, bem como um modelo sem o efeito da composição genética da vaca. De acordo com os critérios de ajuste utilizados, ou seja, o teste F para diferenças de soma de quadrados, coeficiente de determinação do modelo, soma de quadrados do resíduo e média dos resíduos ao quadrado, o PS com três intervalos (dois nós) se ajustou tão bem aos dados, quanto os polinômios mais complexos e a estimação dos efeitos das IVP de vacas cruzadas, combinando as curvas de vacas Charolesas e Zebuínas, com base no percentual de alelos de origem da raça Charolesa da vaca, mostrou-se adequado para ajuste dos dados analisados.

Palavras-chave: avaliação genética multirracial, bovinos de corte, cruzamento, heterozigose, quadrados mínimos

Chapter 1: Modeling the Effects From the Calving Age and Dam's Genetic Composition on Weaning Weight of the Charolais-Zebu Crossbred Calves

Abstract - This study aimed at the evaluation of alternatives for modeling the effect of the age of dam at calving (AOD) and its interaction with the dam's genetic composition on the weight at weaning of the Charolais-Zebu crossbred calves. Data of 56,965 calves were analyzed, by using statistical models considering the fixed effects of the contemporary groups, genetic groups of the sire and dam, and AOD. The AOD effect was adjusted into models, by using annual age classes, as well as ordinary, quadratic to quintic-ordered polynomials (OP) or segmented polynomials (SP) with two, three, four, six and twelve evenly spaced intervals. In the SP case, linear and quadratic effects were considered at the first interval and only a quadratic additional term at the following ones. The AOD effects were nested within calf's sex in all cases. After selecting the best model to consider the AOD effect on the weaning weight, those models considering the effect of the interaction between calving age and the dam's genetic group were compared by using a discrete variable or adjusting the curves of the crossbred dams from the considerations of the breed and heterotic effects in association or separately, as well as a model without the effect from dam's genetic composition. According to the used adjustment criteria, F-test for differences in the sum of squares, coefficient of determination, sum of squares for error, and mean of squared residues, the SP with three intervals (two knots) was so well adjusted to the data as to the most complex polynomials and to estimation of crossbred dams' AOD effect by combining the curves of the Charolais and Zebu dams, based on the percent alleles descending from the Charolais dam, showed to be adequate for adjustment of the analyzed data.

Key words: beef cattle, crossbreeding, heterozygosity, least square, multiple-breed genetic evaluation

3.1. Introdução

O cruzamento é uma alternativa viável para a melhoria dos índices produtivos da bovinocultura de corte. O sucesso de um programa de cruzamento, também, depende da correta identificação do potencial genético dos reprodutores e da seleção dos genótipos mais adequados aos sistemas de produção. Uma ferramenta disponível para identificação do potencial genético dos animais é a avaliação genética.

A idade da vaca ao parto (IVP) é uma importante fonte de variação e tem sido considerada nas avaliações genéticas de bovinos para o peso à desmama. Alguns autores vêm realizando estudos do efeito da IVP sobre características pré-desmama e propondo alternativas viáveis para sua modelagem, em avaliações genéticas intra-raciais (Paz et al., 1999; Bocchi et al., 2004; Bocchi & Albuquerque, 2005). Contudo, a existência de efeitos raciais e heteróticos, diretos e maternos, sobre o peso à desmama (Trematore et al., 1998) e de interações significativas entre estes efeitos genéticos e aqueles da IVP (Massey & Benyshek, 1981) sugerem a necessidade de estudos para modelagem dos efeitos da idade ao parto e sua interação com a composição genética das vacas, em populações de bovinos cruzados.

Portanto, este trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar alternativas para a modelagem do efeito da idade ao parto e sua interação com a composição genética das vacas, sobre o peso à desmama de bezerros cruzados Charolês-Zebu.

3.2. Material e Métodos

Os dados utilizados neste trabalho foram fornecidos pela Associação Brasileira de Criadores de Canchim (ABCCAN) e incluíram os pesos ao nascimento (PN) e à desmama (PD) de bezerros cruzados Charolês-Zebu, envolvidos na obtenção de animais da raça Canchim. A definição dos grupos genéticos considerados na formação da raça Canchim, conforme os esquemas de acasalamento aceitos pela ABCCAN, podem ser obtidos em CPPSE (2006).

O percentual de alelos de origem da raça Charolesa (PC) de cada animal foi obtido por meio da média do PC de seus pais, a partir do ascendente mais antigo. O percentual de heterozigose (PH) foi obtido por meio da expressão $PH_i = PCp_i \times (1 - PCm_i) + PCm_i \times (1 - PCp_i)$, em que: PH_i é o percentual de heterozigose do indivíduo i ; PCp_i é o percentual de alelos de origem da raça Charolesa do pai de i ; e PCm_i é o percentual de alelos de origem da raça Charolesa da mãe de i . Quando a identificação de um ascendente qualquer era desconhecida, mas seu grupo genético era conhecido, os valores teóricos médios obtidos com base nos esquemas apresentados em CPPSE (2006), foram considerados como o PC e como o PH do ascendente desconhecido.

Os PC teóricos médios, considerados para os grupos Zebu, 1/4 Charolês + 3/4 Zebu, A (Canchim X Zebu), T1, T2, V (Esquema III de CPPSE, 2006), 5/8 Charolês + 3/8 Zebu, Canchim (Esquema I de CPPSE, 2006), MA e Charolês foram: 0; 0,25; 0,3125; 0,46875; 0,5; 0,5625; 0,625; 0,625; 0,65625 e 1, respectivamente. Os PH para estes grupos genéticos, na mesma ordem, foram: 0; 0,5; 0,625; 0,546875; 1; 0,5; 0,75; 0,46875; 0,6875 e 0.

Os dados de bezerros gêmeos e, ou provenientes de transferência de embriões, de animais desmamados com idade inferior a 165 dias ou superior a 285 dias, de bezerros filhos de vacas com idade inferior a 730 dias ou superior a 5.490 dias não foram considerados. Os dados de grupos de contemporâneos (GC) com apenas uma observação, também, foram desconsiderados. Os GC foram formados pela concatenação das seguintes variáveis: fazenda, ano e época de nascimento (época 1 - nascimentos entre setembro e novembro; época 2 - nascimentos entre dezembro e fevereiro do ano seguinte; época 3 - nascimentos entre março e maio; e época 4 - nascimentos entre junho e agosto), sexo e regime alimentar (RA) do bezerro à desmama (RA 1 - pasto; RA 2 - pasto adubado; RA 3 - pasto adubado e pastejo rotacionado; RA 4 - pasto irrigado; RA 5 - suplementado a pasto; e RA 6 - confinado).

Os pesos à desmama foram padronizados para a idade de 225 dias (P225), como

$$P225_i = 225 * \left(\frac{PD_i - PN_i}{idade_i} \right) + PN_i - \beta_j (idade_i - 225), \quad [3.1]$$

em que: $P225_i$ representa o peso à desmama, padronizado para 225 dias de idade, do animal i ; PD_i , o peso observado à desmama do animal i ; PN_i , o peso ao nascimento do animal i ; $idade_i$, a idade do animal i à desmama; e β_j , o coeficiente de regressão dos P225 (ajustados para os efeitos de GC) pela idade à desmama, obtido para cada combinação j de grupo genético e sexo do bezerro. Para os animais que não tinham dados de PN, utilizou-se a média de PN de cada combinação de grupo genético e sexo do bezerro. Estes procedimentos foram adotados porque, em um trabalho de simulação realizado previamente, proporcionaram os menores vieses e média dos resíduos ao quadrado e a maior correlação entre valores verdadeiros e ajustados (Torres Júnior & Toral, 2006).

Em seguida, foi realizada uma análise de variância preliminar a fim de obter os resíduos semi-estudentizados (Neter et al., 1996). Neste caso, na aplicação do modelo estatístico, foram considerados os efeitos fixos de GC, grupo genético do pai, grupo genético da mãe, e da covariável idade da vaca ao parto (efeitos linear, quadrático e cúbico) aninhada em cada combinação sexo do bezerro x grupo genético da vaca. Os dados com valores absolutos dos resíduos superiores a quatro foram excluídos. Em seguida, foi realizada outra análise de frequência, sendo excluídos os dados dos GC com apenas uma observação.

Após os procedimentos descritos anteriormente, o arquivo de dados permaneceu com 56.965 pesos à desmama, de bezerros nascidos entre janeiro de 1988 e fevereiro de 2005, filhos de 1.600 touros e de 27.122 vacas, netos de 1.929 avôs maternos, distribuídos em 4.458 grupos de contemporâneos de 247 fazendas, localizadas nas regiões Sul (RS, SC e PR), Sudeste (SP, RJ e MG), Centro-Oeste (MS, MT, GO e DF), Nordeste (BA, PE, PI e MA) e Norte (TO e PA). Em seguida, foram realizadas análises de médias e frequências para caracterização do banco de dados utilizado.

Foram realizadas análises de variância para P225, por meio da metodologia de Quadrados Mínimos, considerando-se o seguinte modelo estatístico:

$$P225_{ijklm} = \mu + GC_j + GGT_k + GGV_l + IVP_{m(ls)} + e_{ijklm}, \quad [3.2]$$

em que: $P225_{ijklm}$ representa o peso à desmama, padronizado para 225 dias de idade, do animal i , criado no grupo de contemporâneos j , filho de um touro do grupo genético k e de uma vaca do grupo genético l com idade ao parto m ; μ , uma constante geral; GC_j , o efeito do grupo de contemporâneos j ($j = 1, \dots, 4.458$); GGT_k , o efeito do grupo genético de touros k ($k = Z, 5/8 \text{ Ch} + 3/8 Z, \text{Canchim, MA e Ch}$); GGV_l , o efeito do grupo genético de vacas l ($l = 1/4 \text{ Ch} + 3/4 Z, A, T1, T2, V, 5/8 \text{ Ch} + 3/8 Z, \text{Canchim e MA}$); $IVP_{m(ls)}$, o efeito da idade da vaca ao parto m ($m = 2,00, \dots, 15,00$ anos), aninhada em cada combinação do grupo genético de vaca l com o sexo s do bezerro ($s = \text{macho e fêmea}$); e e_{ijklm} , o erro aleatório associado a cada observação, $e_{ijklm} \sim NIID(0, \sigma_e^2)$. O efeito da IVP, definida em anos com precisão centesimal, foi modelado com a utilização de classes de IVP (CLA), utilizando-se polinômios ordinários (PO) ou polinômios segmentados (PS).

As classes de IVP foram formadas, agrupando-se as vacas com idade ao parto (em anos) entre 2,00 e 3,00 na classe 1, as vacas com idade ao parto entre 3,01 e 4,00 na classe 2, e assim sucessivamente, até a classe 13, com as vacas com idade ao parto entre 14,01 e 15,00. Neste caso, o modelo considerado corresponde a [3.2], assumindo-se $IVP_{m(ls)}$ como sendo um efeito classificatório (13 classes).

Na implementação dos PO para modelar o efeito da IVP sobre P225, adotou-se o seguinte modelo, na forma geral:

$$P225_{ijklm} = \mu + GC_j + GGT_k + GGV_l + \sum_{p=1}^P b_{p(s)} (IVP_m - \overline{IVP})^p + e_{ijklm}, [3.3]$$

em que: $b_{p(s)}$ representa o coeficiente de regressão de ordem p , aninhado em s ; IVP_m , a idade da vaca ao parto m ; \overline{IVP} , a média das IVP. Neste trabalho, foram avaliados quatro modelos com PO, os quais consistiram em considerar os valores de P como sendo iguais a 2, 3, 4 e 5, que correspondem a modelos com os efeitos linear (L) + quadrático (Q2), L + Q2

+ cúbico (C), L + Q2 + C + quártico (Q4), e L + Q2 + C + Q4 + quántico (Q5), respectivamente.

Para a descrição geral dos modelos com PS, adotou-se a seguinte forma:

$$P225_{ijklm} = \mu + GC_j + GGT_k + GGV_l + c_{1(s)}(IVP_m - \overline{IVP}) + c_{2(s)}(IVP_m - \overline{IVP})^2 + \sum_{f=3}^{q+2} c_{f(s)} (\max(0, IVP_m - (2 + q * ti)))^2 + e_{ijklm}, \quad [3.4]$$

em que: $c_{f(s)}$ representa o coeficiente de regressão f , aninhado em s ; $\max(0, IVP_m - (2 + q * ti))$, o maior valor entre 0 e $IVP_m - (2 + q * ti)$; q , o número de nós admitido; e ti , o espaço entre nós, definido como $\frac{15,00 - 2,00}{q + 1}$, para 15,00 e 2,00 correspondentes à maior e à menor idade das vacas ao parto, respectivamente. Neste trabalho, foram avaliados cinco modelos com PS, os quais consistiram em considerar os valores de q iguais a 1, 2, 3, 5 e 11, que correspondem a modelos com 2, 3, 4, 6 e 12 intervalos e 3, 4, 5, 7 e 13 coeficientes de regressão (além do intercepto), respectivamente.

Os critérios utilizados para comparação dos modelos foram: a soma de quadrados do resíduo (SQR); o teste F para a redução da SQR de modelos subseqüentes; o coeficiente de determinação (R^2); a eficiência dos graus de liberdade adicionais do modelo (EGL); e a média dos resíduos ao quadrado (MRQ). As EGL foram obtidas, como uma razão entre as diferenças de SQR de dois modelos seqüenciais e a diferença dos graus de liberdade de seus resíduos. Para obtenção das MRQ, o resíduo de cada observação foi elevado ao quadrado, sendo a média calculada para cada intervalo de IVP de interesse, de acordo com os modelos avaliados. Neste trabalho, os testes F para as reduções das SQR, após a inclusão de novos intervalos nos PS, são apenas aproximados em função da escolha em comparar modelos com o menor aumento nos graus de liberdade do resíduo, ao invés de comparar modelos perfeitamente aninhados.

Posteriormente, além do modelo escolhido para IVP, em que se considerou o efeito da composição genética da vaca (GGV) como uma variável classificatória (CLA) e um PS com nós aos 6,33 anos e 10,66 anos

de idade para modelar o efeito da IVP sobre P225, outros quatro modelos estatísticos para avaliação do efeito da interação entre IVP e a composição genética da vaca foram considerados. No primeiro, denominado modelo aditivo (A), foram incluídos no modelo [3.4] coeficientes de regressão ($a_{1(s)}$, $a_{2(s)}$, $a_{3(s)}$ e $a_{4(s)}$) para um conjunto de variáveis, obtidas pela multiplicação do percentual de alelos de origem da raça Charolesa da mãe do animal i (PC_{v_i}) pelos coeficientes utilizados para modelar o efeito da IVP sobre P225 com o PS com nós aos 6,33 anos e 10,66 anos de idade (IVPPC). O modelo A pode ser representado da seguinte forma:

$$\begin{aligned}
 P225_{ijklm} = & \mu + GC_j + GGT_k + GGV_l + c_{1(s)}(IVP_m - \overline{IVP}) + c_{2(s)}(IVP_m - \overline{IVP})^2 \\
 & + c_{3(s)}(\max(0, IVP_m - 6,33))^2 + c_{4(s)}(\max(0, IVP_m - 10,66))^2 + a_{1(s)}(PC_{v_i} * (IVP_m - \overline{IVP})) \\
 & + a_{2(s)}(PC_{v_i} * (IVP_m - \overline{IVP}))^2 + a_{3(s)}(PC_{v_i} * (\max(0, IVP_m - 6,33)))^2 \\
 & + a_{4(s)}(PC_{v_i} * (\max(0, IVP_m - 10,66)))^2 + e_{ijklm}. \quad [3.5]
 \end{aligned}$$

Outra alternativa, para modelar o efeito da interação entre IVP e a composição genética da vaca, consistiu na inclusão de coeficientes de regressão ($h_{1(s)}$, $h_{2(s)}$, $h_{3(s)}$ e $h_{4(s)}$) para um conjunto de variáveis, obtidas pela multiplicação do percentual de heterozigose da mãe do animal i (PH_{v_i}) pelos coeficientes utilizados para modelar o efeito da IVP sobre P225 com o PS com nós aos 6,33 e 10,66 anos de idade (IVPPH). Este modelo, denominado modelo de heterozigose (H), pode ser representado da seguinte forma:

$$\begin{aligned}
 P225_{ijklm} = & \mu + GC_j + GGT_k + GGV_l + c_{1(s)}(IVP_m - \overline{IVP}) + c_{2(s)}(IVP_m - \overline{IVP})^2 \\
 & + c_{3(s)}(\max(0, IVP_m - 6,33))^2 + c_{4(s)}(\max(0, IVP_m - 10,66))^2 + h_{1(s)}(PH_{v_i} * (IVP_m - \overline{IVP})) \\
 & + h_{2(s)}(PH_{v_i} * (IVP_m - \overline{IVP}))^2 + h_{3(s)}(PH_{v_i} * (\max(0, IVP_m - 6,33)))^2 \\
 & + h_{4(s)}(PH_{v_i} * (\max(0, IVP_m - 10,66)))^2 + e_{ijklm}. \quad [3.6]
 \end{aligned}$$

Também foi avaliado um modelo, contendo os coeficientes de regressão $a_{1(s)}$, $a_{2(s)}$, $a_{3(s)}$, $a_{4(s)}$, $h_{1(s)}$, $h_{2(s)}$, $h_{3(s)}$ e $h_{4(s)}$, juntamente com as variáveis correspondentes e descritas anteriormente, denominado como

modelo aditivo e de heterozigose (A + H) e, por fim, considerou-se um modelo sem o efeito da composição genética da vaca, definido como

$$P225_{ijkm} = \mu + GC_j + GGT_k + c_{1(s)}(IVP_m - \overline{IVP}) + c_{2(s)}(IVP_m - \overline{IVP})^2 + c_{3(s)}(\max(0, IVP_m - 6,33))^2 + c_{4(s)}(\max(0, IVP_m - 10,66))^2 + e_{ijkm}. \quad [3.7]$$

Os critérios de ajuste, utilizados para escolher o melhor modelo para o efeito da interação entre IVP e a composição genética da vaca, foram os mesmos utilizados para escolher o melhor modelo para a IVP.

Após a realização das análises de variância e da estimação dos coeficientes de regressão para IVP, foram construídos gráficos para melhor visualização da forma das curvas, que descrevem o efeito da IVP de acordo com os grupos genéticos de vacas avaliados.

No presente caso, o intercepto de cada equação de regressão envolve combinações complexas dos efeitos genéticos e das soluções para os demais efeitos fixos, podendo até mesmo não ser estimável. Assim, optou-se pela utilização de uma variável, denominada como Forma da Curva (FC) e expressa em kg, composta pela diferença entre o ponto estimado para cada IVP, no intervalo 2,00 anos - 15,00 anos, e a média de todos os pontos, obtidos a cada 0,01 anos, dentro deste intervalo. O valor da FC pode ser calculado, empregando-se

$$FC_{m(t)} = f_t(x_m) - \frac{\sum_{m=2,00}^{15,00} f_t(x_m)}{np}, \quad [3.8]$$

em que: $FC_{m(t)}$ é o valor da FC, obtida para o ponto m ($m = 2,00, 2,01, 2,02, \dots, 15,00$), para cada equação de regressão (desconsiderando o valor do intercepto) obtida para o modelo t ; sendo que, t representa cada um dos quatorze modelos avaliados; $f_t(x_m)$ representa o ponto m estimado com a equação do modelo t ; e np representa o número de pontos no intervalo 2,00 - 15,00 anos ($np = 1.301$).

3.3. Resultados e Discussão

Na Tabela 3.1, é apresentada a distribuição dos dados de P225 em função dos grupos genéticos de vacas e de touros.

Tabela 3.1 - Distribuição dos dados de peso à desmama, em função dos grupos genéticos de vacas (GGV) e de touros (GGT)

GGV	GGT					
	Zebu (Z)	5/8 Ch + 3/8 Z	Canchim	MA	Charolês (Ch)	
1/4 Ch + 3/4 Z					314	314
A			124		10.569	10.693
T1	7		252			259
T2	39		1.232			1.271
V			4.973			4.973
5/8 Ch + 3/4 Z		297	827			1.124
Canchim	20		32.631			32.651
MA			3.390	2.290		5.680
Total	66	297	43.429	2.290	10.883	56.965

Observa-se a falta de registros de animais dos primeiros cruzamentos, utilizados para a formação da raça Canchim como, por exemplo, touro Charolês x vaca Zebu e touro Canchim x vaca Zebu, bem como de animais Charoleses e Zebuínos puros. A ausência dos acasalamentos de indivíduos com mesma composição genética e de alguns cruzamentos, F2 por exemplo, caracteriza uma população multirracial incompleta (Elzo & Borjas, 2004), o que pode ocorrer, pois, nesta população comercial, os cruzamentos são direcionados no sentido de produzir animais com uma composição genética predeterminada (5/8 Ch + 3/8 Z).

Nas populações multirraciais incompletas, alguns efeitos genéticos podem não ser diretamente estimáveis. No entanto, segundo Rodriguez-Almeida et al. (1997), estes efeitos poderiam ser estimados em populações experimentais, com a presença de todos os cruzamentos necessários, e ser utilizados nas avaliações de populações comerciais. Este é o caso, por exemplo, das avaliações genéticas realizadas para a Associação da raça Simental dos Estados Unidos. Nestas avaliações, que envolvem dados de animais cruzados, resultados experimentais para a heterose de alguns cruzamentos são combinados com valores obtidos diretamente dos dados disponíveis, por meio de inferência Bayesiana, para obter soluções mais confiáveis para os efeitos incluídos nos modelos (Quaas & Pollak, 1999).

Na Figura 3.1, apresenta-se a distribuição dos dados de P225 nos diferentes intervalos de IVP, para cada grupo genético de vacas, de acordo com o sexo do bezerro.

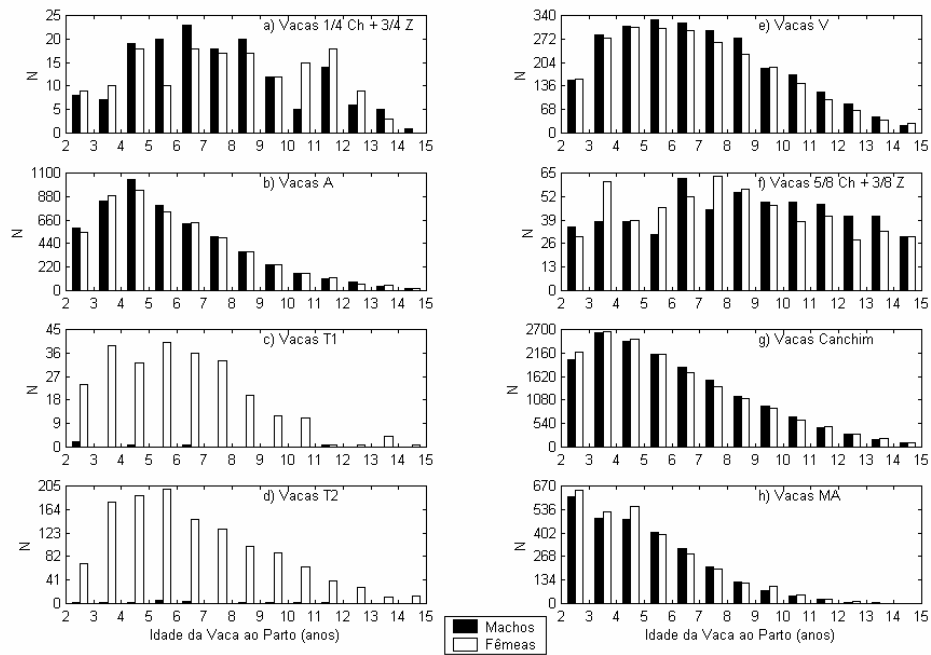


Figura 3.1 - Número de observações (N) de peso à desmama nos diferentes intervalos de idade da vaca ao parto, para cada grupo genético de vacas, de acordo com o sexo do bezerro.

Analisando-se a Figura 3.1, em primeiro lugar observa-se a ocorrência de redução no número de observações, com o aumento da IVP. Este fato é esperado para bancos de dados de bovinos de corte, uma vez que as vacas menos produtivas, geralmente as mais velhas, são descartadas após a desmama do bezerro. Considerando taxas de prenhez (TP) de 80% e que todas as vacas vazias são descartadas ao final de uma estação de monta, as probabilidades de uma fêmea, que entra na primeira estação de monta aos 27 meses de idade, permanecer no rebanho até completar dez (P2-10) ou quinze anos (P2-15) são de 16,8% e 5,5%, respectivamente, ou seja, $P(\text{idade inicial} - \text{idade final}) = TP^{np}$; em que: TP é a taxa de prenhez e np é o número de partos necessários para a permanência da vaca no rebanho. Além disso, conforme discutido anteriormente, em função da realização de cruzamentos direcionados, alguns grupos genéticos possuem poucos dados, como é o caso dos machos filhos de vacas T1 e T2, principalmente. Esses machos do grupo genético V, embora não possam ser utilizados como reprodutores nos esquemas de formação da raça Canchim, poderiam ter

seus dados coletados, contribuindo para a avaliação de seus ascendentes e da raça como um todo.

Na Tabela 3.2, apresentam-se as médias, os desvios-padrão e os valores mínimos e máximos para P225 e idade dos bezerros à desmama, em função do sexo e do grupo genético.

Tabela 3.2 - Médias (M), desvios-padrão (DP), valores mínimos (MÍN) e máximos (MÁX) para peso e idade à desmama de bezerros cruzados Charolês-Zebu, em função do sexo e do grupo genético (GG) do bezerro

GG	Peso à desmama (kg)				Idade à desmama (dias)				N
	M	DP	MÍN	MÁX	M	DP	MÍN	MÁX	
Machos									
1/4 Ch + 3/4 Z									
A	254,9	20,9	240,1	269,7	221,5	23,3	205,0	238,0	2
T1	191,5	25,7	153,1	224,5	227,4	11,1	208,0	235,0	5
V	213,5	30,7	169,6	275,0	226,7	24,4	169,0	280,0	24
5/8 Ch + 3/4 Z	215,7	36,2	122,2	289,0	227,3	28,1	167,0	284,0	158
Canchim	213,4	41,6	79,5	424,1	226,7	24,6	165,0	285,0	22.367
MA	214,0	34,9	85,2	332,1	226,9	25,0	165,0	285,0	5.418
Total	213,5	40,3	79,5	424,1	226,7	24,7	165,0	285,0	27.974
Fêmeas									
1/4 Ch + 3/4 Z	175,4	34,4	119,4	255,0	220,4	33,4	175,0	276,0	46
A	189,0	22,0	155,1	238,2	231,0	24,3	190,0	264,0	18
T1	182,0	30,7	96,2	258,5	223,8	23,4	165,0	284,0	119
V	184,8	34,4	87,3	297,4	227,0	25,5	166,0	285,0	1.460
5/8 Ch + 3/4 Z	208,5	34,0	111,0	275,9	227,8	29,3	165,0	285,0	156
Canchim	197,9	36,2	80,0	354,5	227,1	24,4	165,0	285,0	22.041
MA	203,2	31,8	79,6	338,2	226,4	24,6	165,0	285,0	5.151
Total	198,1	35,6	79,6	354,5	226,9	24,5	165,0	285,0	28.991

As estatísticas descritivas de P225 são apresentadas apenas para caracterização do banco de dados, porque não se objetiva, no presente trabalho, comparar os P225 dos diferentes grupos genéticos nem analisar, detalhadamente, as causas dessas variações. Maiores detalhes sobre características de crescimento de bezerros cruzados Charolês-Zebu podem ser obtidos, em Alencar et al. (1998) e Trematore et al. (1998). Todavia, um ponto importante a ser analisado, neste caso, é que as médias da idade do bezerro à desmama encontram-se próximas do valor utilizado na padronização dos dados, que foi de 225 dias.

Na Tabela 3.3, são apresentados o número de coeficientes de regressão (NCR), os graus de liberdade do resíduo (GLR), a soma de

quadrados do resíduo (SQR), o modelo usado como referência para o teste F e cálculo da eficiência dos graus de liberdade adicionais (MR), valores de p para o teste F para a redução da SQR de modelos subseqüentes (p), a eficiência dos graus de liberdade adicionais do modelo (EGL) e o coeficiente de determinação (R^2) para os diferentes modelos estatísticos para o efeito da IVP sobre P225 de bezerros cruzados Charolês-Zebu.

Tabela 3.3 - Número de coeficientes de regressão (NCR), graus de liberdade do resíduo (GLR), soma de quadrados do resíduo $\times 10^{-3}$ (SQR), modelo usado como referência para o teste F e cálculo da eficiência dos graus de liberdade adicionais (MR), valores de p para o teste F (p), eficiência dos graus de liberdade adicionais (EGL) e coeficiente de determinação (R^2) para os diferentes modelos estatísticos para o efeito da idade da vaca ao parto sobre o peso à desmama de bezerros cruzados Charolês-Zebu

Modelo	Tipo ¹	NCR ²	GLR	SQR	MR	p	EGL	R^2
1	PO	2	52.464	38.121	-	-	-	55,44
2	PO	3	52.448	37.927	1	< 0,01	12.088,28	55,67
3	PS	3	52.448	37.957	1	< 0,01	10.232,10	55,64
4	PO	4	52.432	37.911	2	0,12	1.025,33	55,69
5	PS	4	52.433	37.909	3	< 0,01	3.235,72	55,69
6	PO	5	52.417	37.898	4	0,24	886,12	55,70
7	PS	5	52.418	37.895	5	0,22	908,51	55,71
8	PS	7	52.388	37.877	7	0,71	609,17	55,73
9	PS	13	52.303	37.809	8	0,24	798,19	55,81
10	CLA	13	52.314	38.031	1	0,95	598,16	55,55
					2	0,99	-1.443,38	
					3	0,99	-1.221,74	

¹CLA = classificatório; PO = polinômio ordinário; PS = polinômio segmentado. ²Corresponde ao número de classes de IVP para o modelo 10.

As diferenças das SQR e dos R^2 foram inferiores a 1%. O teste F mostrou que não houve diferença significativa entre os modelos 1 (PO quadrático) e 10 (IVP como efeito classificatório) e que os modelos 2 (PO cúbico) e 3 (PS com dois intervalos), embora menos parametrizados, proporcionaram ajustes significativamente melhores que o modelo 10, com menor SQR, sugerindo que os PO e os PS proporcionam melhores ajustes que o modelo classificatório. Com o agrupamento das IVP em classes anuais, foram formadas classes de IVP com pequeno número de observações para alguns grupos genéticos, assim como para as IVP maiores. Dessa forma, as estimativas dos efeitos para estas classes podem

apresentar erros superiores àqueles das estimativas dos modelos polinomiais. Além disso, ao considerar precisão centesimal na definição de IVP, ocorre o agrupamento de 100 'subclasses' de IVP em uma única classe anual, sendo assumido que os efeitos destas 100 'subclasses' são os mesmos, o que na realidade não pode ser afirmado. Assim, a utilização de funções contínuas para modelar o efeito da IVP sobre o P225 parece ser uma alternativa mais interessante que a utilização da variável classificatória, pois, possibilita maior discriminação das diferenças entre as IVP adjacentes.

O teste F mostrou que os modelos 5 (PS com três intervalos) e 2 (PO cúbico) podem ser usados para modelar o efeito da IVP sobre o P225, haja vista que não houve aumento significativo ($p > 0,10$) do ajuste para os modelos mais complexos. Observou-se tendência de redução da variável EGL com o aumento na complexidade dos modelos, sendo que, neste caso, uma rápida redução na EGL corrobora a falta de significância do aumento no ajuste dos modelos mais complexos. As maiores EGL dos modelos com três coeficientes de regressão (PS e PO) e dos PS com quatro coeficientes de regressão corroboram com os resultados do teste F.

O teste F aproximado para a diferença dos modelos 5 e 2 mostrou que o primeiro proporcionou ajuste, significativamente, melhor ($p = 0,04$) que o segundo para modelar o efeito da IVP sobre o P225. Contudo, é importante notar que o modelo 5 possui um coeficiente de regressão a mais que o modelo 2. Estes resultados são semelhantes aos obtidos por Paz et al. (1999). Esses autores verificaram que o ajuste, proporcionado por um PS com os efeitos linear + quadrático no primeiro intervalo e quadrático no segundo, com nó aos 8 anos de idade, foi superior ao ajuste proporcionado por um PO quadrático para o efeito da IVP sobre o ganho de peso diário na pré-desmama de bovinos Nelore. Para a realização de comparações mais adequadas entre os PS e PO, é importante que modelos com o mesmo número de coeficientes de regressão sejam considerados.

Conforme se observa na Tabela 3.3, as diferenças das SQR e dos R^2 entre modelos PS e PO com mesmo número de coeficientes de regressão (modelos 2 e 3, modelos 4 e 5, modelos 6 e 7) foram inferiores a 0,1%. A variável média dos resíduos ao quadrado, apresentada na Tabela 3.4 e na

Figura 3.2, pode auxiliar a diferenciação dos modelos PS e PO, considerando-se aqueles com mesmo número de coeficientes de regressão.

Na Tabela 3.4, são apresentados o número de coeficientes de regressão (NCR), as médias dos resíduos ao quadrado (MRQ) e o número de observações (N) nos intervalos determinados pelos nós dos PS, enquanto, na Figura 3.2 são apresentadas as MRQ, obtidas para cada intervalo de um ano, para os diferentes modelos estatísticos para o efeito IVP sobre o P225 de bezerros cruzados Charolês-Zebu.

Tabela 3.4 - Número de coeficientes de regressão (NCR), média dos resíduos ao quadrado (MRQ) e número de observações (N) para cada intervalo, para os diferentes modelos para o efeito da idade da vaca ao parto sobre o peso à desmama de bezerros cruzados Charolês-Zebu

Modelo	Tipo ¹	NCR	MRQ (kg ²)			
			2,00 - 8,50	8,51 - 15,00		
2	PO	3	651,087	728,860		
3	PS	3	651,662	729,149		
		N	46.187	10.778		
			2,00 - 6,33	6,34 - 10,66	10,67 - 15,00	
4	PO	4	641,509	694,703	742,460	
5	PS	4	641,503	694,715	741,897	
		N	35.144	17.493	4.328	
			2,00 - 5,25	5,26 - 8,50	8,51 - 11,75	11,76 - 15,00
6	PO	5	644,755	659,388	716,072	768,106
7	PS	5	644,750	659,341	715,996	767,636
		N	27.456	18.731	8.347	2.431

¹PO = polinômio ordinário; PS = polinômio segmentado.

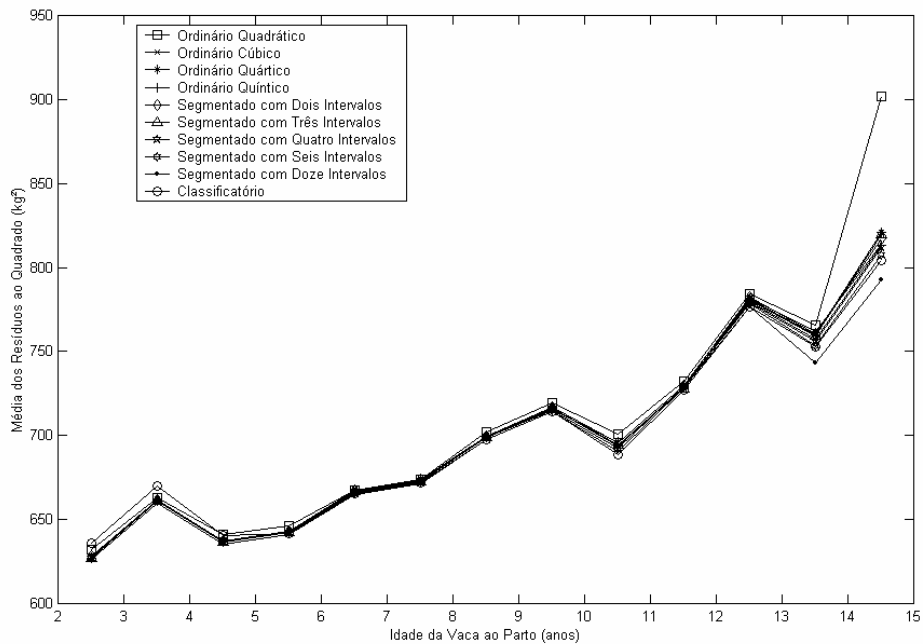


Figura 3.2 - Média dos resíduos ao quadrado para os intervalos de idade da vaca ao parto, de acordo com o modelo estatístico para o efeito da idade da vaca ao parto sobre o peso à desmama de bezerros cruzados Charolês-Zebu.

As diferenças nas MRQ dos modelos PS e PO, nos intervalos determinados pelos nós dos PS (Tabela 3.4) ou intervalos anuais (Figura 3.2), considerando-se os modelos com mesmo número de coeficientes de regressão, embora sejam de pequenas magnitudes, ajudam na discriminação destes polinômios.

Os PS compõem uma classe de modelos que apresentam um bom ajuste local, mas também apresentam um bom ajuste global, conforme se observa ao comparar os modelos 5 e 4, que possuem o mesmo número de parâmetros. Neste caso, além de apresentar o melhor ajuste para o primeiro e para o último intervalo (Tabela 3.4), o modelo 5 também apresenta a menor SQR (Tabela 3.3).

Os PS possibilitam o melhor ajuste local em função de considerarem uma equação para cada intervalo, enquanto os PO ajustam uma equação ao longo de todo o domínio da variável independente (no caso a IVP), sendo mais influenciados pelas regiões, em que ocorre maior concentração de pontos, proporcionando piores estimativas para o efeito da IVP sobre P225 nos extremos da distribuição, em que o número de dados geralmente é

menor. Conseqüentemente, os PS podem proporcionar melhores ajustes para os dados relativos a vacas mais velhas, em função da segmentação da curva.

Se a escolha fosse por PO, melhores ajustes poderiam ser proporcionados, somente, com a utilização de polinômios de maior ordem. A utilização de PO com ordem elevada (cúbico, quártico, etc.) poderia acarretar problemas de interpretação biológica da forma da curva e de multicolinearidade. Com a utilização dos PS, estes problemas são, pelo menos, amenizados porque não é necessária a inclusão de coeficientes de ordem elevada e os nós podem delimitar fases fisiológicas diferentes das vacas, justificando a existência de equações diferentes para cada uma dessas fases. Segundo Paz et al. (1999), a segmentação de funções que expressam relações biológicas, como é o caso da relação entre IVP e peso à desmama dos seus bezerros, pode ser realizada porque o comportamento das variáveis em uma região da curva, delimitada por uma fase fisiológica, pode ser independente de seu comportamento em outras regiões, sendo, dessa forma, melhor definidas pelos polinômios segmentados.

É importante ressaltar que o PO quadrático, normalmente utilizado para modelar o efeito da IVP sobre características de pré-desmama, apresentou o pior resultado entre os modelos avaliados, principalmente na modelagem do efeito da IVP das vacas mais velhas, de modo que a sua utilização, quando necessária, requer cautela. A conseqüência imediata deste fato é que o efeito da IVP estaria sendo mal contabilizado na avaliação de animais, cujas mães apresentam idades mais avançadas, sendo que esses animais podem estar sendo sub ou super avaliados.

De modo geral, as diferenças das MRQ foram menores entre os diferentes modelos do que entre os diferentes intervalos para a IVP, ocorrendo aumento das MRQ em função da IVP. Tal fato pode ser um indício da existência de heterogeneidade de variâncias e, portanto, a avaliação de modelos heterocedásticos para o efeito da IVP pode ser uma alternativa interessante e necessária.

Dessa forma, nas análises a seguir, optou-se pela utilização do modelo estatístico [3.4] com $q = 2$. Este modelo representa um PS com três intervalos, com nós aos 6,33 anos e 10,66 anos de idade, sendo que sua

escolha confirma a viabilidade da utilização de modelos mais parcimoniosos, na modelagem do efeito da IVP sobre o P225 de bovinos cruzados Charolês-Zebu.

Na Tabela 3.5, são apresentados o NCR, GLR, SQR, MR, p, EGL e R² para os diferentes modelos estatísticos, para o efeito da interação da idade ao parto e composição genética das vacas sobre o P225 de bezerros cruzados Charolês-Zebu, considerando-se um modelo PS com três intervalos [3.4] para modelar o efeito da IVP.

Tabela 3.5 - Número de coeficientes de regressão (NCR), graus de liberdade do resíduo (GLR), soma de quadrados do resíduo x 10⁻³ (SQR), modelo usado como referência para o teste F e cálculo da eficiência dos graus de liberdade adicionais (MR), valores de p para o teste F (p), eficiência dos graus de liberdade adicionais (EGL) e coeficiente de determinação (R²) para os diferentes modelos estatísticos (ME) para o efeito da interação da idade ao parto e composição genética da vaca sobre o peso à desmama de bezerros cruzados Charolês-Zebu, considerando-se um polinômio segmentado com três intervalos para modelar o efeito da idade da vaca ao parto

Modelo	ME ¹	NCR	GLR	SQR	MR	p	EGL	R ²
5	CLA	63	52.433	37.909	11	< 0,01	1.306,47	55,69
					12	< 0,01	1.293,27	
11	A + H	24	52.472	37.960	12	0,09	1.228,94	55,63
					13	< 0,01	3.176,88	
12	A	16	52.480	37.969	14	< 0,01	3.045,09	55,62
13	H	16	52.480	37.985	14	0,15	1.097,16	55,60
14	-	8	52.488	37.994	-	-	-	55,59

¹CLA = modelo com a composição genética da vaca como variável classificatória (agrupamento considerando a composição racial e heterozigose); A = modelo com as covariáveis IVPPC para considerar o efeito aditivo da raça Charolesa; H = modelo com o as covariáveis IVPPH para considerar o efeito da heterozigose.

A inclusão das covariáveis IVPPH, que são provenientes das multiplicações dos coeficientes associados à IVP pelos percentuais de heterozigoses das vacas, não proporcionou melhoria do ajuste do modelo, quando esta foi adicionada ao modelo mais simples (modelo 13 x modelo 14) (p = 0,15), nem quando estas foram adicionadas ao modelo que já continha os efeitos das covariáveis IVPPC, que são provenientes das multiplicações dos coeficientes associados à IVP pelos percentuais de alelos de origem da raça Charolesa (modelo 11 x modelo 12) (p = 0,09), indicando que o processo de maturação e senescência das vacas, avaliado pelo

comportamento do peso à desmama dos bezerros em função da IVP, não é influenciado pela heterozigose e sugerindo que a inclusão da heterozigose no modelo estatístico não é necessária.

Por outro lado, as inclusões das covariáveis IVPPC aos modelos 14 e 13 proporcionaram melhorias significativas nos ajustes dos modelos ($p < 0,01$ em ambos), destacando a importância desta variável e indicando que vacas com maior proporção de alelos de origem da raça Charolesa apresentam curva de maturação e senescência diferente daquelas vacas com maior percentagem de alelos de origem das raças Zebuínas.

O teste F para a diferença entre as somas de quadrados dos modelos classificatório (modelo 5) e aditivo (modelo 12) foi estatisticamente significativo, porém, neste caso, a EGL foi mais de duas vezes menor que a EGL ao adicionar a covariável IVPPC ao modelo 14, indicando que a inclusão de mais 47 graus de liberdade ao modelo levou a uma parametrização menos eficiente. Estes 47 graus de liberdade, além de incluírem os oito relativos à inclusão das covariáveis IVPPH (coeficientes linear e quadrático no primeiro intervalo, quadrático no segundo e quadrático no terceiro intervalo, para machos e fêmeas), incluem parâmetros cuja interpretação biológica é complexa e pode ser questionável.

Outro fator que pode reforçar a escolha do modelo, que contém apenas a covariável IVPPC, é o fato que para alguns grupos genéticos de vacas, como os grupos $1/4$ Ch + $3/4$ Z, T1 e T2, o número de dados nas subclasses de grupo genético da vaca e sexo do bezerro é pequeno, por exemplo: estavam disponíveis, apenas, cinco observações de bezerros machos filhos de vacas T1, o que levaria à estimação de coeficientes de regressão com elevados erros-padrão e, ou incoerentes, como ocorreu.

O modelo aditivo com PS de dois nós, além de ser mais parcimonioso que o modelo que considera o grupo genético como uma variável classificatória e estima uma curva para cada grupo genético, possibilita que o efeito da IVP de vacas de grupos genéticos com poucos dados sejam melhor estimados, uma vez que utilizam os dados de todos os grupos genéticos para a estimação deste efeito. Todavia, é importante ressaltar a validade dessas estimativas para estimar o efeito da IVP para vacas de grupos genéticos com PC dentro do intervalo considerado.

Na Figura 3.3, são apresentadas as MRQ para cada intervalo de um ano para os diferentes modelos estatísticos, para o efeito da interação entre idade ao parto e composição genética da vaca sobre o P225 de bezerros cruzados Charolês-Zebu.

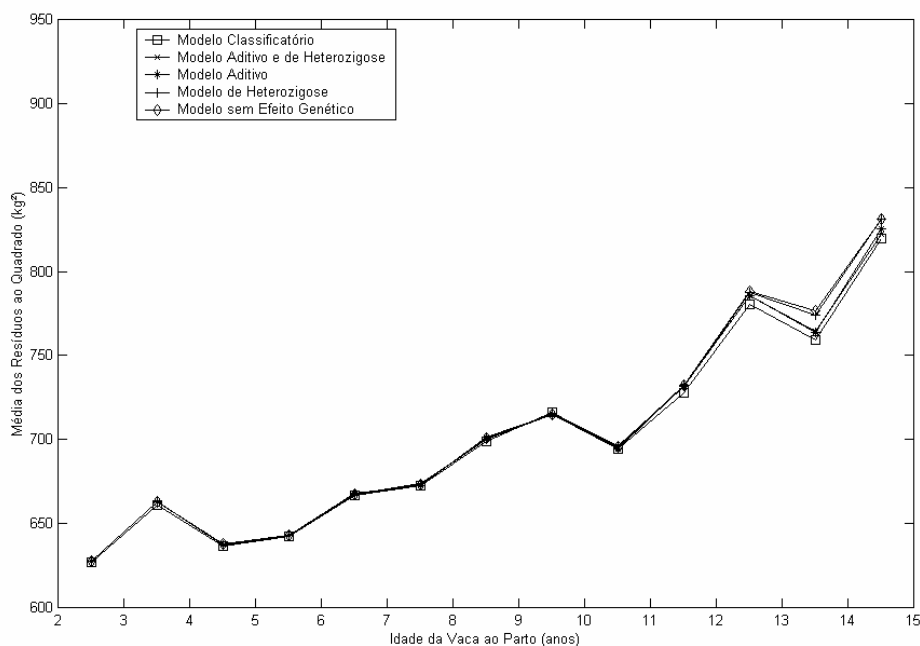


Figura 3.3 - Médias dos resíduos ao quadrado para os intervalos de idade da vaca ao parto, de acordo com o modelo estatístico para o efeito da interação entre idade ao parto e composição genética da vaca sobre o peso à desmama de bezerros cruzados Charolês-Zebu.

As diferenças entre as MRQ ao longo do intervalo de IVP, para os diferentes modelos, também foram menores que aquelas entre os intervalos de IVP, o que reforça a possibilidade de o modelo aditivo [3.5] ser suficiente para modelar o efeito da composição genética da vaca sobre o P225 dos bezerros.

O modelo aditivo apresentado neste trabalho é semelhante aos modelos, propostos por Klei et al. (1996), McConnel (1996) e Quaas & Pollak (1999), para avaliação genética multirracial de animais da Associação da raça Simental dos Estados Unidos. No modelo proposto por esses autores, os efeitos das IVP de vacas puras Simental (IVP_{Sim}), Angus (IVP_{Ang}) ou Brahman (IVP_{Bra}) sobre o peso à desmama dos bezerros são estimados por

polinômios ordinários quárticos enquanto os efeitos das IVP das vacas cruzadas são estimados ponderando-se os efeitos das vacas puras pelas composições genéticas das cruzadas. Por exemplo: o efeito da IVP de uma vaca F1 (Simental x Angus) pode ser estimado por $1/2 IVP_{Sim} + 1/2 IVP_{Ang}$, enquanto o efeito da IVP de uma vaca Simbra pode ser estimado por $5/8 IVP_{Sim} + 3/8 IVP_{Bra}$.

Na Figura 3.4, são apresentadas as variáveis forma da curva (FC) em função da IVP, para cada modelo para a composição genética da vaca, de acordo com os grupos genéticos de vacas e sexo do bezerro. Na Figura 3.5, são apresentadas as variáveis FC em função da IVP, para cada modelo para a composição genética da vaca e sexo do bezerro, de acordo com os grupos genéticos de vacas. Nestas figuras, os pontos relacionados aos bezerros machos filhos de vacas T1 e T2, provenientes dos modelos que consideraram o grupo genético da vaca como uma variável classificatória, não foram plotados por que as curvas estimadas foram inconsistentes.

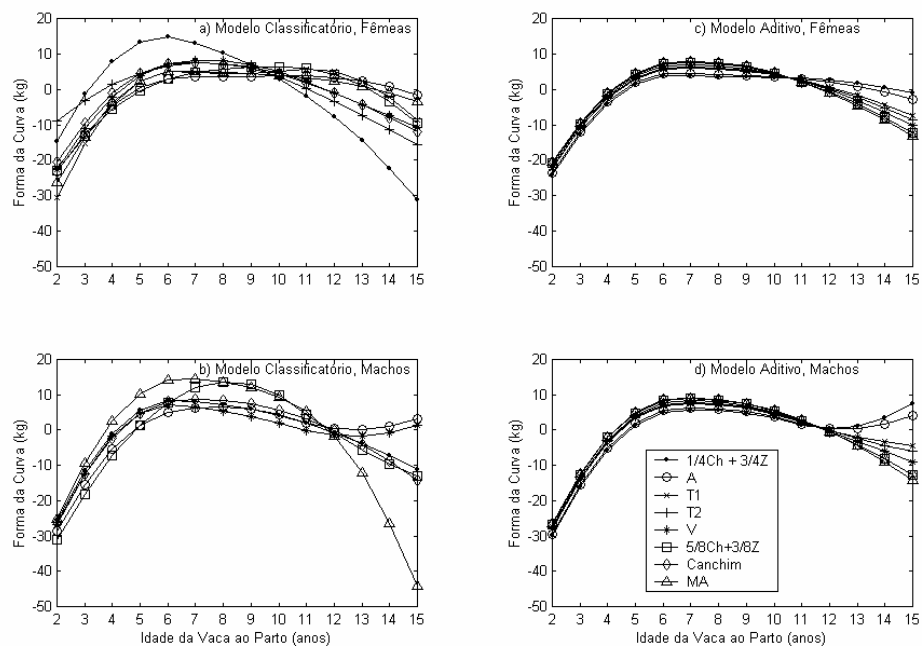


Figura 3.4 - Forma da curva em função da idade da vaca ao parto, para cada modelo para a composição genética da vaca, de acordo com os grupos genéticos de vacas e sexo do bezerro.

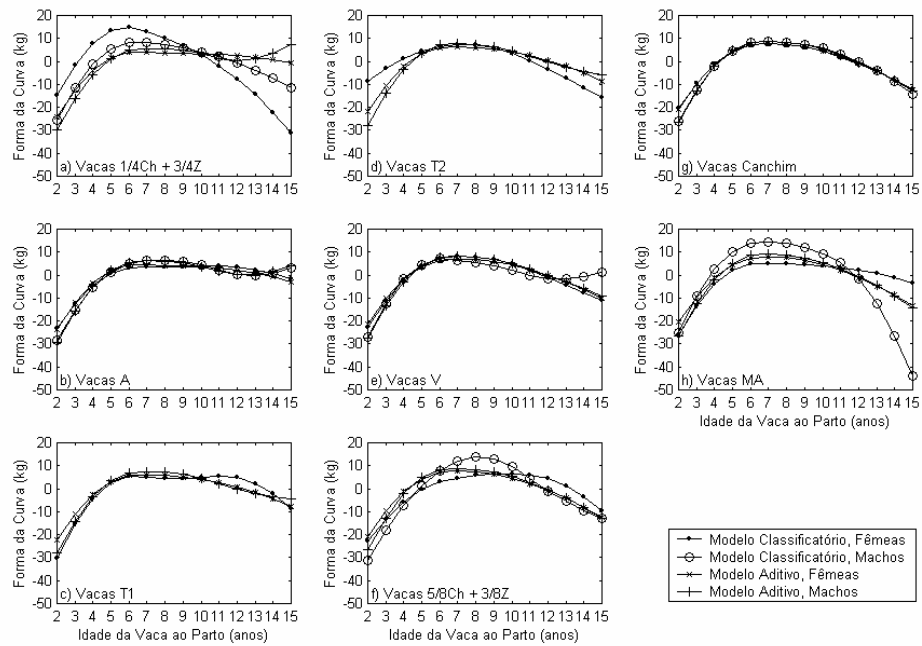


Figura 3.5 - Forma da curva em função da idade da vaca ao parto, para cada modelo para a composição genética da vaca e sexo do bezerro, de acordo com os grupos genéticos de vacas.

De modo geral, o comportamento observado para a variável FC está de acordo com os trabalhos revisados por Rumph & Van Vleck (2004), ou seja, os bezerros filhos de vacas com idades extremas são mais leves que os filhos de vacas com idades intermediárias. Durante a fase pré-desmama, o peso do bezerro está, positivamente, correlacionado com a produção de leite de sua mãe (0,71, Albuquerque et al., 1993) e, assim, espera-se que alterações na produção de leite reflitam no peso à desmama dos bezerros. As vacas jovens produzem menos leite, em relação àquelas que estão atingindo a maturidade fisiológica, porque os nutrientes ingeridos também precisam ser utilizados para o crescimento corporal, além de o serem para a produção de leite, manutenção e gestação (Rumph & Van Vleck, 2004). Entretanto, para as vacas mais velhas, a redução na produção de leite pode ser atribuída, parcialmente, a uma redução na eficiência destas matrizes em converter os nutrientes ingeridos em leite (Rumph & Van Vleck, 2004).

As diferenças entre as curvas de cada grupo genético de vaca, obtidas por meio do modelo 5 (classificatório), foram maiores que aquelas obtidas por meio do modelo 12 (aditivo), para ambos os sexos (Figura 3.4).

Observa-se, também, que essas diferenças não ocorreram no mesmo sentido para ambos os sexos.

Com a utilização da composição genética da vaca como uma variável classificatória, observou-se um pico mais proeminente da variável FC e uma redução mais significativa para as fêmeas, filhas de vacas 1/4 Ch e 3/4 Z, do que para os machos. Além disso, não foi possível fazer qualquer inferência a respeito da variável FC para os machos filhos de vacas T1 e T2, em função desses valores terem sido inconsistentes.

De acordo com os trabalhos de Teixeira & Albuquerque (2003) e Bocchi et al. (2004), espera-se que o pico do efeito da IVP, nas curvas dos machos, seja mais evidente que das fêmeas, sendo as curvas das fêmeas mais planas. Tal fato evidenciou-se com a utilização dos modelos com efeitos classificatórios para os grupos genéticos de vacas 1/4 Ch + 3/4 Z, 5/8 Ch + 3/8 Z e MA. Por outro lado, essas diferenças não foram observadas, quando se utilizou o modelo aditivo, devendo ser analisadas com cautela, em função de não terem sido realizados testes estatísticos para comparação entre os coeficientes das curvas para os diferentes sexos.

Considerando-se o modelo aditivo, o comportamento da variável FC para os machos filhos de vacas 1/4 Ch + 3/4 Z e de vacas A, que geralmente são filhos de touros Charoleses, não seguiu o padrão esperado, que era redução da FC à medida que a IVP se aproximava do final do intervalo considerado. Ao analisar o comportamento das variáveis FC das vacas 1/4 Ch + 3/4 Z e das vacas MA, que são as vacas com menor e maior percentuais de alelos de origem da raça Charolesa, respectivamente, apresentados na Figura 3.4, observa-se que as FC das vacas MA atingem pontos mais elevados que aquele das vacas 1/4 Ch + 3/4 Z (exceto na Figura 3.4.a) e, também, que após a idade de 10,66 anos, ocorre redução mais acentuada da FC das vacas MA em relação àquelas das vacas 1/4 Ch + 3/4 Z, evidenciando diferenças nas curvas de maturação e senescência das vacas, conforme destacado anteriormente.

Para as vacas Canchim, o comportamento da variável FC foi semelhante em todos os casos, independente do sexo do bezerro e da maneira com que o efeito da composição genética da vaca foi considerado, possivelmente porque o volume de dados para este grupo genético é o

maior entre os avaliados, sugerindo que os maiores benefícios da utilização do modelo aditivo referem-se ao aproveitamento dos dados de animais dos grupos genéticos com menor número de observações.

3.4. Conclusões

Os modelos polinomiais ordinários e os segmentados mostram-se mais adequados que o modelo classificatório, para modelar o efeito da idade da vaca ao parto sobre o peso à desmama de bezerros cruzados Charolês-Zebu. Os polinômios ordinários quadráticos apresentam problemas de modelagem para as idades extremas, levando a maiores resíduos nessas idades, em relação aos demais modelos avaliados. Os polinômios segmentados com dois nós e quatro coeficientes de regressão (linear e quadrático - quadrático - quadrático) são satisfatórios para modelar o efeito da idade da vaca ao parto sobre o peso à desmama, podendo ser implementados nas avaliações genéticas da raça Canchim.

A modelagem do efeito da interação entre idade ao parto e composição genética da vaca sobre o peso à desmama de bezerros, por meio da utilização do modelo aditivo, com a estimação dos efeitos das IVP de vacas cruzadas a partir de ponderações dos efeitos das IVP de vacas Charolesas e Zebuínas é adequada, sendo, também, uma alternativa interessante quando se buscam modelos estatísticos mais parcimoniosos.

O comportamento da curva de maturação e senescência das vacas com maior percentual de alelos de origem da raça Charolesa é diferente daquele observado para as vacas com maior percentual de alelos de origem de raças Zebuínas.

3.5. Literatura Citada

ALBUQUERQUE, L.G.; ELER, J.P.; COSTA, M.J.R.P. et al. Produção de leite e desempenho do bezerro na fase de aleitamento em três raças bovinas de corte. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.22, n.5, p.745-754, 1993.

ALENCAR, M.M.; TREMATORE, R.L.; OLIVEIRA, J.A.L. Características de crescimento até a desmama de bovinos da raça Nelore e cruzados

- Charolês-Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.27, n.1, p.40-46, 1998.
- BOCCHI, A.L.; TEIXEIRA, R.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Idade da vaca e mês de nascimento sobre o peso ao desmame de bezerros nelore nas diferentes regiões brasileiras. **Acta Scientiarum**, v.26, n.4, p.475-482, 2004.
- BOCCHI, A.L.; ALBUQUERQUE, L.G. Efeito da idade da vaca e da data juliana de nascimento sobre o ganho médio diário de bezerros de corte no período pré-desmame. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, n.4, p.524-532, 2005.
- CPPSE. Esquemas de acasalamentos para obtenção do Canchim, <http://www.cppse.embrapa.br/cppse/origem.html> (acesso em 02/02/2006).
- ELZO, M.A.; BORJAS, A.R. Perspectivas da avaliação genética multirracial em bovinos no Brasil. **Ciência Animal Brasileira**, v.5, n.4, p.171-185, 2004.
- KLEI, L; QUAAS, R.L.; POLLAK, E.J. et al. Multiple breed evaluation. In: BEEF IMPROVEMENT FEDERATION ANNUAL RESEARCH SYMPOSIUM & ANNUAL MEETING, 28., 1996, Birmingham. **Proceedings...** Birmingham: Beef Improvement Federation, 1996. p.93-105.
- McCONNEL, M.B. **Modeling age of dam effects in crossbred populations**. Ithaca: Cornell University, 1996. 42p. Thesis (Bachelor's Degree with Honors) - Cornell University, 1996.
- MASSEY, M.E.; BENYSHEK, L.L. Interactions involving sires, breed of dam and age of dam for performance characteristics in Limousin cattle. **Journal of Animal Science**, v.53, n.4, p.940-945, 1981.
- NETER, J.; KUTNER, M.H.; NACHTSHEIN, C.J. et al. **Applied linear statistical models**. 4.ed. Chicago: Irwin, 1996. 1408p.

- PAZ, C.C.P.; ALBUQUERQUE, L.G.; FRIES, L.A. Efeitos ambientais sobre ganho de peso no período do nascimento ao desmama em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.1, p.55-64, 1999.
- QUAAS, R.L.; POLLAK, E.J. Application of multi-breed genetic evaluation. In: GENETIC PREDICTION WORKSHOP, 17., 1999, Kansas City. **Proceedings...** Kansas City: Beef Improvement Federation, 1999. p.30-34.
- RODRIGUEZ-ALMEIDA, F.A.; VAN VLECK, L.D.; GREGORY, K.E. Estimation of direct and maternal breed effects for prediction of expected progeny differences for birth and weaning weights in three multibreed populations. **Journal of Animal Science**, v.75, n.5, p.1203-1212, 1997.
- RUMPH, J.M.; VAN VLECK, L.D. Age of dam adjustment factors for birth and weaning weight records of beef cattle: a review. **Genetics and Molecular Biology**, v.3, n.1, p.1-17, 2004.
- TEIXEIRA, R.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Efeitos ambientais que afetam o ganho de peso pré-desmama em animais Angus, Hereford, Nelore e mestiços Angus-Nelore e Hereford-Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4, p.887-890, 2003.
- TORRES JÚNIOR, R.A.A.; TORAL, F.L.B. Alternative methods for the adjustment of weaning weights of beef cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Book of abstracts...** Belo Horizonte: Permanent International Committee for World Congresses on Genetics Applied to Livestock Production, 2006. p.67.
- TREMATORE, R.L.; ALENCAR, M.M.; BARBOSA, P.F. et al. Estimativas de efeitos aditivos e heteróticos para características de crescimento pré-desmama em bovinos Charolês-Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.27, n.1, p.87-94, 1998.

4. Capítulo 2: Modelagem de Efeitos Genéticos e Ambientais que Influenciam o Peso à Desmama de Bezerros Cruzados Charolês-Zebu

Resumo - Este trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar alternativas para modelagem de efeitos genéticos e ambientais, que influenciam o peso à desmama de bezerros cruzados Charolês-Zebu, bem como comparar reprodutores de grupos genéticos distintos. Foram utilizados os dados de peso à desmama de 56.965 bezerros, com percentuais de alelos de origem da raça Charolesa variando entre 23% e 66%. Os modelos considerados diferiram quanto à inclusão de efeitos genéticos raciais e heteróticos, individuais e maternos, bem como quanto à maneira de considerar estes efeitos (regressão múltipla ou variável classificatória). Também foi avaliada a inclusão da interação entre o grupo genético do bezerro e seu grupo de contemporâneos (GG^aGC), como um efeito aleatório não correlacionado. De acordo com os critérios de ajuste utilizados, a interação GG^aGC representa parte significativa da variação, observada para o peso à desmama de bezerros cruzados Charolês-Zebu, assim como os efeitos dos percentuais de alelos de origem da raça Charolesa e de heterozigoses, individuais e maternos, podem ser modelados por meio da utilização de regressão múltipla. O modelo sugerido permite, ainda, a obtenção de ajustes para as DEPs (diferenças esperadas na progênie) de reprodutores de diferentes grupos genéticos, de modo que elas possam ser comparadas sob a pressuposição de homogeneidade de variâncias.

Palavras-chave: avaliação genética multirracial, bovinos de corte, cruzamento, heterozigose, modelo estatístico

Chapter 2: Modeling the Genetic and Environmental Effects Affecting the Weaning Weight in Charolais-Zebu Crossbred Calves

Abstract - This study was carried out to evaluate some alternatives for modeling both genetic and environmental effects influencing the weaning weight of Charolais-Zebu crossbred calves, as well as to compare the sires and dams pertaining to different genetic groups. The weaning weight data of 56,965 calves with percent alleles from the Charolais breed varying from 23% to 66% were used. The models under comparison differed for the inclusion of the breed and heterotic either individual and maternal genetic effects, as well as the way to consider those effects (multiple regression or discrete variable). The inclusion of the interaction between the calf genetic group and its contemporary group (GG^aGC) was also evaluated as a random uncorrelated effect. The adjustment criteria pointed out the interaction GG^aGC to represent a significant part of the variation observed for the weaning weight of the Charolais-Zebu crossbred calves, and the effects of either percent alleles from the Charolais breed and the heterozygosity may be modeled, by using the multiple regression. The suggested model also allows for obtaining the adjustments for EPDs (expected progeny differences) of the sires and dams from different genetic groups, on such a way they might be compared under the presupposition of homogeneous variances.

Key words: beef cattle, crossbreeding, heterozygosity, multiple-breed genetic evaluation, statistical model

4.1. Introdução

O melhoramento genético pode contribuir para a melhoria dos índices produtivos da bovinocultura de corte por meio da seleção de reprodutores, geneticamente, superiores e dos cruzamentos. Nos cruzamentos, além da possibilidade de aproveitamento dos benefícios provenientes da seleção dos indivíduos dentro das raças, é possível explorar a heterose e a complementaridade. A seleção também deve ser realizada nas populações de animais cruzados e a avaliação genética é uma ferramenta importante para identificação do potencial genético dos animais para as características de interesse.

Nas avaliações genéticas intra-raciais de bovinos, para características de crescimento, efeitos genéticos aditivos direto e materno, de ambiente materno permanente, de grupos de contemporâneos e das idades do bezerro e da mãe são, geralmente, considerados (Mercadante & Lôbo, 1997; Paz et al., 1999; Silveira et al., 2004). Contudo, em avaliações de populações cruzadas, é necessário que os efeitos raciais e heteróticos, que podem ser fontes significativas de variação (Newman et al., 1993; Trematore et al., 1998; Roso & Fries, 2000; Abdel-Aziz et al., 2003), sejam, também, modelados adequadamente para que os animais de diferentes grupos genéticos possam ser comparados. Portanto, este trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar alternativas para modelagem de efeitos genéticos e ambientais, que influenciam a expressão do peso à desmama de bezerros cruzados Charolês-Zebu, assim como comparar reprodutores de grupos genéticos distintos.

4.2. Material e Métodos

Os dados utilizados neste trabalho foram fornecidos pela Associação Brasileira de Criadores de Canchim (ABCCAN) e incluíram os dados genealógicos e os pesos ao nascimento (PN) e à desmama (PD) de bezerros cruzados Charolês-Zebu, envolvidos na obtenção de animais da raça Canchim. Os esquemas de acasalamento aceitos pela ABCCAN, para a formação desta raça, podem ser obtidos em CPPSE (2006).

O percentual de alelos de origem da raça Charolesa (PC) de cada animal foi obtido pela média do PC de seus pais, a partir do ascendente mais antigo. O percentual de heterozigose (PH) foi obtido, por meio da expressão

$$PH_i = PCp_i \times (1 - PCm_i) + PCm_i \times (1 - PCp_i), \quad [4.1]$$

em que: PH_i é o percentual de heterozigose do indivíduo i ; PCp_i é o percentual de alelos de origem da raça Charolesa do pai de i ; e PCm_i é o percentual de alelos de origem da raça Charolesa da mãe de i . Quando a identificação de um ascendente qualquer era desconhecida, mas seu grupo genético era conhecido, o PC e o PH do ascendente desconhecido foram considerados como valores teóricos médios, obtidos com base nos esquemas apresentados em CPPSE (2006). Em algumas situações, o mesmo grupo genético pode ser obtido em mais de um cruzamento como, por exemplo grupos V e Canchim. Nestes casos e também quando se conhecia apenas o grupo genético do ascendente, optou-se por considerar este ascendente como sendo proveniente daquele cruzamento mais utilizado.

Os PC teóricos médios, considerados para os grupos Zebu, 1/4 Charolês + 3/4 Zebu, A (Canchim X Zebu), T1, T2, V (Esquema III de CPPSE, 2006), 5/8 Charolês + 3/8 Zebu, Canchim (Esquema I de CPPSE, 2006), MA e Charolês foram: 0; 0,25; 0,3125; 0,46875; 0,5; 0,5625; 0,625; 0,625; 0,65625 e 1, respectivamente, enquanto os PH para estes grupos genéticos, na mesma ordem, foram: 0; 0,5; 0,625; 0,546875; 1; 0,5; 0,75; 0,46875; 0,6875 e 0.

Para modelagem dos efeitos das composições genéticas individuais e maternas, optou-se pela utilização de uma definição alternativa para os grupos genéticos (GG^a), o que permitiu a diferenciação de animais considerados do mesmo grupo, segundo as definições da ABCCAN, mas que são provenientes de diferentes esquemas de cruzamento, especialmente em função de diferenças raciais e heteróticas existentes entre suas mães. Os seguintes GG^a foram considerados: GG^{a1} = bezerro 1/4 Ch + 3/4 Z filho de vaca T1; GG^{a2} = bezerro 1/4 Ch + 3/4 Z filho de vaca T2; GG^{a3} = bezerro A filho de vaca Canchim; GG^{a4} = bezerro T1 filho de vaca A; GG^{a5}

= bezerro V filho de vaca T1; GG^{a6} = bezerro V, filho de vaca T2; GG^{a7} = bezerro 5/8 Ch + 3/8 Z filho de vaca 1/4 Ch + 3/4 Z; GG^{a8} = bezerro Canchim filho de vaca V; GG^{a9} = bezerro Canchim filho de vaca 5/8 Ch + 3/8 Z; GG^{a10} = bezerro Canchim filho de vaca Canchim; GG^{a11} = bezerro Canchim filho de vaca MA; e GG^{a12} = bezerro MA filho de vaca A.

Os dados de bezerros gêmeos e, ou provenientes de transferência de embriões, de animais desmamados com idade inferior a 165 dias ou superior a 285 dias, de bezerros filhos de vacas com idade inferior a 730 dias ou superior a 5.490 dias não foram considerados. Os dados de grupos de contemporâneos (GC) com apenas uma observação, também, foram desconsiderados. Os GC foram formados pela concatenação das variáveis: fazenda, ano e época de nascimento (época 1 - nascimentos entre setembro e novembro; época 2 - nascimentos entre dezembro e fevereiro do ano seguinte; época 3 - nascimentos entre março e maio; e época 4 - nascimentos entre junho e agosto), sexo e regime alimentar do bezerro à desmama (RA 1 - pasto; RA 2 - pasto adubado; RA 3 - pasto adubado e pastejo rotacionado; RA 4 - pasto irrigado; RA 5 - suplementado à pasto; e RA 6 - confinado).

Os pesos à desmama foram padronizados para a idade de 225 dias (P225), conforme

$$P225_i = 225 * \left(\frac{PD_i - PN_i}{idade_i} \right) + PN_i - \beta_j (idade_i - 225), \quad [4.2]$$

em que: $P225_i$ é o peso à desmama, padronizado para 225 dias de idade, do animal i ; PD_i é o peso observado à desmama do animal i ; PN_i é o peso ao nascimento do animal i ; $idade_i$ é a idade do animal i à desmama; e β_j é o coeficiente de regressão dos P225 (ajustados para os efeitos de GC) pela idade à desmama, obtido para cada combinação j de grupo genético e sexo do bezerro. Para os animais, que não tinham dados de PN, utilizou-se a média de PN de cada combinação de grupo genético e sexo do bezerro. Estes procedimentos foram adotados porque, em um trabalho de simulação realizado previamente, proporcionaram os menores vieses e média dos resíduos ao quadrado e a maior correlação entre valores verdadeiros e ajustados (Torres Júnior & Toral, 2006).

Em seguida, foi realizada uma análise de variância preliminar, com o objetivo de obter os resíduos semi-estudentizados (Neter et al., 1996). Neste caso, no modelo estatístico utilizado, foram considerados os efeitos fixos de GC, grupo genético do pai, grupo genético da mãe e da covariável idade da vaca ao parto (efeitos linear, quadrático e cúbico) aninhada em cada combinação sexo do bezerro x grupo genético da vaca. Os dados com valores absolutos dos resíduos superiores a quatro foram excluídos. Em seguida, foi realizada outra análise de frequência e os dados dos GC com, apenas, uma observação foram excluídos.

Após os procedimentos descritos anteriormente, o arquivo de dados permaneceu com 56.965 pesos à desmama, de bezerros nascidos entre janeiro de 1988 e fevereiro de 2005, filhos de 1.600 touros e de 27.122 vacas, netos de 1.929 avôs maternos, distribuídos em 4.458 grupos de contemporâneos de 247 fazendas, localizadas nas regiões Sul (RS, SC e PR), Sudeste (SP, RJ e MG), Centro-Oeste (MS, MT, GO e DF), Nordeste (BA, PE, PI e MA) e Norte (TO e PA). Análises de frequências foram realizadas para caracterização do banco de dados utilizado.

Para determinação dos animais mantidos no arquivo de pedigree, foi desenvolvido um algoritmo recursivo para manter, na base de pedigrees, apenas os indivíduos com dados e seus ancestrais. Além disso, os indivíduos que não possuíam dados ou não eram mães de animais com dados, não possuíam ancestrais conhecidos e estavam ligados a apenas um animal no banco de dados, também, foram excluídos do arquivo de pedigree e do pedigree de seu descendente. Tais procedimentos foram repetidos, até que não houvesse mais animais desse tipo. Assim, foi composta uma matriz de parentesco, contendo apenas os dados genealógicos de animais considerados informativos, ou seja, 87.312 animais. Isto reduziu a demanda computacional, pois, a base inicial continha registros de parentesco de 283.063 animais.

Foram avaliados sete modelos competitivos para o peso à desmama destes animais, utilizando-se a metodologia de Modelos Mistos (Henderson et al., 1959). O primeiro modelo considerado (A) foi

$$P225_{ijlm} = a_i + m_j + p_j + \mu + GC_l + c_{1(s)}(IVP_m - \overline{IVP}) + c_{2(s)}(IVP - \overline{IVP})^2$$

$$\begin{aligned}
& + c_{3(s)} (\max(0, IVP_m - 6,33))^2 + c_{4(s)} (\max(0, IVP_m - 10,66))^2 + d_{1(s)} (PC_{v_j} * (IVP_m - \overline{IVP})) \\
& + d_{2(s)} (PC_{v_j} * (IVP_m - \overline{IVP}))^2 + d_{3(s)} (PC_{v_j} * (\max(0, IVP_m - 6,33)))^2 \\
& + d_{4(s)} (PC_{v_j} * (\max(0, IVP_m - 10,66)))^2 + e_{ijlm}, \quad [4.3]
\end{aligned}$$

em que: $P225_{ijlm}$ representa o peso à desmama, padronizado para 225 dias de idade, do animal i , filho da vaca j com idade m , criado no grupo de contemporâneos l ; a_i , o efeito genético aditivo direto do animal i ; m_j , o efeito genético aditivo materno da vaca j ; p_j , o efeito de ambiente materno permanente da vaca j ; μ , uma constante geral; GC_l , o efeito do grupo de contemporâneos l ($l = 1, \dots, 4.458$); $c_{h(s)}$, o coeficiente de regressão de ordem h ($h = 1, 2, 3, 4$), aninhado em sexo s do bezerro ($s =$ macho e fêmea); IVP_m , a idade da vaca m ($m = 2,00, \dots, 15,00$ anos); \overline{IVP} , a média das idades das vacas aos partos; $d_{g(s)}$, o coeficiente de regressão g ($g = 1, 2, 3, 4$), aninhado em s ; PC_{v_j} , o percentual de alelos de origem da raça Charolesa da vaca j ; e e_{ijlm} , o erro aleatório associado a cada observação. Os coeficientes $c_{h(s)}$ foram usados, para modelar uma curva de maturação e senescência para as vacas Zebuínas, com um polinômio segmentado linear + quadrático - quadrático - quadrático com nós aos 6,33 anos e 10,66 anos de idade, enquanto os coeficientes $d_{g(s)}$ foram utilizados na modelagem das diferenças entre as curvas de maturação e senescência de vacas Charolesas, em relação às das vacas Zebuínas. Estes coeficientes foram aninhados no sexo do bezerro, em todas as situações. Assim, para as vacas cruzadas, as curvas podem ser obtidas pela combinação dessas duas curvas, proporcionalmente à percentagem de alelos de origem da raça Charolesa do grupo de interesse.

No modelo B, foram incluídos os efeitos presentes no modelo A e o efeito aleatório não correlacionado da interação entre o grupo genético do animal (GG^a , como definido anteriormente) e seu grupo de contemporâneos, $GG^a GC_q$ ($q = 1, \dots, 9.013$), numa tentativa de modelar, pelo menos parcialmente, um efeito de interação genótipo x ambiente.

No modelo C, além dos efeitos considerados no modelo A [4.3], foram incluídos os coeficientes de regressão lineares para modelar os efeitos do PC dos animais, $b_1(PC_i)$; do PC das vacas, $b_2(PC_{v_j})$; do PH dos animais, $b_3(PH_i)$; e do PH das vacas $b_4(PH_{v_j})$. Com a inclusão destas covariáveis, buscou-se obter soluções para efeitos raciais e heteróticos, de modo que eles pudessem ser restituídos aos valores genéticos dos touros e vacas de diferentes grupos genéticos, que podem ser utilizados para o mesmo fim, como a produção de animais da raça Canchim.

No modelo D, considerou-se o efeito classificatório fixo do grupo genético do animal (GG_t^a , $t = 1, \dots, 12$) e os demais efeitos incluídos no modelo A. Este modelo possibilita considerar os efeitos raciais e heteróticos, em conjunto, mas não possibilita a restituição destes efeitos aos valores genéticos dos reprodutores.

No modelo E, foram incluídos aqueles efeitos do modelo C e a interação GG^aGC_q . No modelo F, além dos efeitos considerados no modelo D, foi incluída a interação GG^aGC_q . Também foi considerado o modelo utilizado atualmente para avaliação genética da raça Canchim (modelo G), que é semelhante ao modelo [4.3], mas com o efeito do grupo genético (GG^a) participando da formação do grupo de contemporâneos (ABCCAN-Embrapa-Genepplus, 2004).

Sob a forma matricial, os modelos podem ser representados da seguinte forma geral:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3p + Z_4q + e, \quad [4.4]$$

em que: y representa o vetor com os dados analisados ($N = 56.965 \times 1$); X , a matriz de incidência de efeitos fixos ($N \times nf =$ níveis de efeitos fixos); β , o vetor de efeitos fixos considerados ($nf \times 1$); Z_1 , a matriz de incidência dos efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos ($N \times N$); a , o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos ($N \times 1$); Z_2 , a matriz de incidência dos efeitos aleatórios genéticos aditivos maternos ($N \times N$); m , o vetor de efeitos aleatórios aditivos maternos ($N \times 1$); Z_3 , a matriz de incidência dos efeitos aleatórios de ambiente materno permanente ($N \times nv = 27.122$); p , o vetor de

efeitos aleatórios de ambiente materno permanente ($n_v \times 1$); Z_4 , a matriz de incidência dos efeitos aleatórios da interação GG^aGC ($N \times n_i = 9.013$); q , o vetor de efeitos aleatórios da interação GG^aGC, quando incluída no modelo ($n_i \times 1$); e e , o vetor de resíduos aleatórios ($N \times 1$). As seguintes pressuposições foram assumidas para os efeitos aleatórios:

$$\begin{bmatrix} a \\ m \\ p \\ q \\ e \end{bmatrix} \sim NMV \left\{ \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \begin{bmatrix} G & B & 0 & 0 & 0 \\ B & M & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & P & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & Q & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix} \right\},$$

em que: G representa a matriz de (co)variâncias genéticas aditivas diretas entre os animais, $G = A\sigma_a^2$; A , a matriz de parentesco; σ_a^2 , a variância genética aditiva direta; M , a matriz de (co)variâncias genéticas aditivas maternas, $M = A\sigma_m^2$; σ_m^2 , a variância genética aditiva materna; B , a matriz de covariâncias entre os efeitos genéticos aditivos diretos e maternos, $B = A\sigma_{am}$; σ_{am} , a covariância entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno; P , a matriz de (co)variâncias dos efeitos de ambiente materno permanente, $P = I_{n_v}\sigma_p^2$; I_{n_v} , a matriz identidade de ordem igual ao número de vacas com filhos com dados; σ_p^2 , a variância de ambiente materno permanente; Q , a matriz de (co)variâncias dos efeitos da interação GG^aGC, $Q = I_{n_i}\sigma_q^2$; I_{n_i} , a matriz identidade de ordem igual ao número de subclasses da interação GG^aGC; σ_q^2 , a variância atribuída a GG^aGC; R , a matriz de (co)variâncias residuais, $R = I_N\sigma_e^2$; I_N , a matriz identidade de ordem igual ao número de observações; e σ_e^2 , a variância residual.

Os componentes de variância foram estimados pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita, sendo as estimativas utilizadas na resolução do sistema de equações de Modelos Mistos, para obtenção das soluções para os efeitos fixos (BLUE) e aleatórios (BLUP), utilizando-se o programa MTDFREML (Boldman et al., 1995). O critério de convergência foi alcançado, quando a variância dos valores assumidos pela verossimilhança nos pontos do Simplex foi inferior a 10^{-9} . Após cada convergência, as

análises foram reiniciadas até que o valor da função de verossimilhança restrita estivesse constante.

A comparação entre os modelos foi realizada em dois estágios, conforme recomendado por Wolfinger (1993). No primeiro estágio, foram avaliadas as melhorias nos ajustes, proporcionadas pela inclusão de efeitos aleatórios, como a interação GG^aGC (modelo B x A, modelo E x C e modelo F x D), mesmo que os modelos ainda estejam super-parametrizados em relação aos efeitos fixos. Neste caso, a estatística do Teste da Razão de Verossimilhança (LRT) pode ser calculada como a diferença entre os valores, assumidos pelo logaritmo da função de verossimilhança restrita ($-2\ln(L)$) de dois modelos competitivos e comparada com o valor obtido pela distribuição de qui-quadrado, com graus de liberdade igual à diferença no número de efeitos aleatórios considerados. O valor do $-2\ln(L)$ foi obtido, como

$$-2\ln(L)_x = (n - p_x) \times \ln(2\pi) + \ln|V| + \ln|X'V^{-1}X| + (y - X\beta)'V^{-1}(y - X\beta), [4.5]$$

em que: $-2\ln(L)_x$ representa o valor da função de verossimilhança restrita do modelo x ($x = A, B, \dots, G$); n , o número de observações utilizadas, p_x representa o posto da matriz de delineamento do modelo x e serve para considerar a redução dos graus de liberdade, em função da estimação das soluções para os efeitos fixos do modelo; e V representa a matriz de (co)variância fenotípica (Wolfinger, 1993; Boldman et al., 1995).

O Critério de Informação de Akaike (AIC) e o AIC Consistente (CAIC) também foram calculados, nesta etapa. Wolfinger (1993) ressalta que estes últimos critérios são mais conservadores que o LRT, porque consideram o número de efeitos aleatórios dos modelos competitivos. As fórmulas utilizadas para cálculo desses critérios foram:

$$AIC_x = -2\ln(L)_x + 2k_x, \text{ e} [4.6]$$

$$CAIC_x = -2\ln(L)_x + k_x[\ln(n - p_x) + 1], [4.7]$$

em que: AIC_x representa o critério de informação de Akaike do modelo x ; k_x , o número de componentes de (co)variância do modelo x ; e $CAIC_x$, o critério de informação de Akaike consistente do modelo x (Bozdogan, 1987; Wolfinger, 1993). Quanto mais próximos de zero forem os valores de -

$-2\ln(L)$, AIC e CAIC, melhor o ajuste do modelo (SAS, 2003). No caso dos critérios AIC e CAIC, foram comparados os valores absolutos, conforme apresentado por Bozdogan (1987).

No segundo estágio, os modelos foram comparados quanto aos ajustes, proporcionados pelos efeitos fixos. Neste caso, os valores de $-2\ln(L)$ podem não ser adequados para comparação de modelos, pois, com a utilização do REML, os efeitos fixos são ‘eliminados’ (Wolfinger, 1993). Os critérios AIC e CAIC foram recalculados, segundo apresentado por Wolfinger (1993), como

$$AIC_x = -2\ln(L)_x + 2(p_x + k_x), \text{ e} \quad [4.8]$$

$$CAIC_x = -2\ln(L)_x + (p_x + k_x)[\ln(n) + 1]. \quad [4.9]$$

As Diferenças Esperadas na Progênie (DEPs) foram calculadas, a partir das soluções dos efeitos genéticos aditivos diretos e maternos, para os reprodutores que tiveram, pelo menos, um filho com registro de peso à desmama válido entre março de 2000 e fevereiro de 2005 (últimos cinco anos). Além disso, para os modelos C e E, as DEPs foram ajustadas ($DEPs_{aj}$) por meio de procedimentos semelhantes àqueles adotados por Notter & Cundiff (1991) e Van Vleck & Cundiff (2005), de modo a possibilitar a comparação entre reprodutores de grupos genéticos diferentes, mas que possam ser utilizados para produzir animais da raça Canchim. Foram obtidas $DEPs_{aj}$ para touros dos grupos 5/8 Ch + 3/8 Z, Canchim e MA e para vacas dos grupos V, 5/8 Ch + 3/8 Z, Canchim e MA. Também foram obtidas $DEPs_{aj}$ para touros Charoleses e vacas do grupo A porque este cruzamento, cujos produtos são do grupo MA, foi responsável por quase 20% dos dados. As $DEPs_{aj}$ para os efeitos aditivos diretos ($DEP_{aj,i}^d$) e maternos ($DEP_{aj,i}^m$) do animal i foram obtidas, por

$$DEP_{aj,i}^d = DEP_i^d + \frac{b_1(PC_i)}{2}, \text{ e} \quad [4.10]$$

$$DEP_{aj,i}^m = DEP_i^m + \frac{b_2(PC_i)}{2}, \quad [4.11]$$

em que: $DEP_{aj,i}^d$ representa a DEP_{aj} do efeito genético aditivo direto do animal i ; DEP_i^d , a DEP do efeito genético aditivo direto do animal i ; b_1 , o coeficiente de regressão dos P225 em função dos percentuais de alelos de origem da raça

Charolesa (PC) dos animais; PC_i , o PC do animal i ; $DEP_{aj,i}^m$ representa a DEP_{aj} do efeito genético aditivo materno do animal i ; DEP_i^m , a DEP do efeito genético aditivo materno do animal i ; e b_2 , o coeficiente de regressão dos P225 em função dos PC das vacas.

Foram calculadas as correlações de Spearman entre as DEPs dos reprodutores de grupos genéticos, utilizados para a produção de animais Canchim e MA, obtidas por meio dos diferentes modelos.

4.3. Resultados e Discussão

Na Tabela 4.1, apresenta-se a distribuição dos dados de P225 em função dos grupos genéticos dos pais.

Tabela 4.1 - Distribuição dos dados de peso à desmama, em função dos grupos genéticos de vacas (GGV) e de touros (GGT)

GGV	GGT					
	Zebu (Z)	5/8 Ch + 3/8 Z	Canchim	MA	Charolês (Ch)	
1/4 Ch + 3/4 Z					314	314
A			124		10.569	10.693
T1	7		252			259
T2	39		1.232			1.271
V			4.973			4.973
5/8 Ch + 3/4 Z		297	827			1.124
Canchim	20		32.631			32.651
MA			3.390	2.290		5.680
Total	66	297	43.429	2.290	10.883	56.965

Observa-se que os touros e, ou vacas de alguns grupos raciais não foram utilizados nos cruzamentos, caracterizando uma população multirracial incompleta (Elzo & Borjas, 2004). Isto ocorre porque, nesta população comercial, os cruzamentos são direcionados no sentido de produzir animais com uma composição genética predeterminada (5/8 Ch + 3/8 Z). Além disso, os dados de alguns cruzamentos não são submetidos à Associação e os produtos destes cruzamentos entram no banco de dados, apenas, como matrizes.

Na Tabela 4.2, apresenta-se a distribuição do número de animais e do número de grupos genéticos (GG^a) por grupo de contemporâneos (GC).

Tabela 4.2 - Distribuição do número de animais por grupo de contemporâneos (GC) e do número de grupos genéticos (GG^a) por GC

Animais / GC	GC	GG ^a / GC	GC
2	660	1	1.733
3 - 5	1.210	2	1.516
6 - 10	1.027	3	772
11 - 20	830	4	321
21 - 30	313	5	73
31 - 60	295	6	25
61 - 100	86	7	13
101 - 140	33	8	3
141 - 180	4	9	2

De acordo com Lofgren & Stewart (1994), a acurácia das DEPs aumenta à medida que o número de reprodutores e o tamanho dos grupos de contemporâneos aumentam. Os critérios para inclusão de um GC na base de dados podem ir além do seu tamanho e considerar, por exemplo, a existência de laços genéticos entre grupos (Kennedy & Trus, 1993). No presente caso, simplesmente, optou-se pelo maior aproveitamento possível dos dados disponíveis. Com isso, também se valoriza o trabalho daqueles criadores que, mesmo trabalhando com GC 'pequenos', dedicam-se à coleta de dados e participam do desenvolvimento da raça.

Em 4.189 GC (94% do total de GC) havia dados de animais Canchim. Em 2.725 GC (61% do total de GC) havia dados de animais de mais de um GG^a. Dentre esses últimos grupos, os animais Canchim estiveram presentes em 2.689 GC. Do ponto de vista prático, pode ser mais interessante formar lotes mais homogêneos e criar os animais de cada grupo genético naquele ambiente mais adequado a seu desenvolvimento, enquanto do ponto de vista da avaliação genética multirracial, a criação de animais de diferentes grupos genéticos em condições ambientais semelhantes é importante, para evitar o confundimento dos efeitos raciais com aqueles ambientais.

Na Tabela 4.3, apresenta-se a distribuição do número de filhos por vaca e por touro.

Tabela 4.3 - Distribuição do número de filhos por vaca e por touro

Filhos / Vaca	Vacas	Filhos / Touro	Touros
1	13.078	1	221
2	6.306	2 - 5	314
3	3.540	6 - 10	248
4	2.086	11 - 20	272
5	1.085	21 - 50	298
6	573	51 - 75	96
7	261	76 - 100	52
8	135	101 - 150	30
9	43	151 - 200	25
10	12	201 - 500	27
11	2	501 - 1.000	14
12	1	1.000 - 1.915	3

Aproximadamente metade das vacas, consideradas na base de dados deste trabalho, possuía dois ou mais filhos com registros válidos. Além disso, 7.312 vacas também possuíam dados de desempenho próprio e 1.122 vacas possuíam registros próprios e registros válidos de filhas e de netos. Dentre os touros, 536 possuíam registros de peso à desmama próprios e 225 possuíam, além deste registro, registros válidos de filhas e de netos. É importante caracterizar os bancos de dados quanto a estas informações, pois, elas são importantes para a estimação de efeitos genéticos aditivos diretos e maternos (Maniatis & Pollott, 2003), bem como dos efeitos de ambiente materno permanente.

Na Tabela 4.4, são apresentados os valores dos critérios, utilizados para comparação de modelos quanto à presença da interação GG^aGC , $-2Ln(L)$, AIC e CAIC, o número de componentes de (co)variância do modelo, o posto da matriz de delineamento, os modelos de referência para os LRT e os níveis de significância.

Tabela 4.4 - Valores da função de verossimilhança restrita (-2Ln(L)), do critério de informação de Akaike (AIC) e do AIC consistente (CAIC), número de componentes de (co)variância do modelo (k), posto da matriz de delineamento (p(X)), modelos de referência para os testes da razão de verossimilhança (MR) e níveis de significância dos testes (p)

Modelo ¹	-2Ln(L)	AIC	CAIC	k	p(X)	MR	P
A	405.130,4	405.140,4	405.189,7	5	4.474		
B	404.909,7	404.921,7	404.980,9	6	4.474	A	< 0,01
C	404.851,7	404.861,7	404.863,6	5	4.478		
D	404.722,9	404.732,9	404.782,2	5	4.485		
E	404.660,5	404.672,5	404.731,7	6	4.478	C	< 0,01
F	404.552,3	404.564,3	404.623,5	6	4.485	D	< 0,01

¹Ver Material e Métodos para descrição detalhada dos modelos.

A hipótese avaliada com os testes, apresentados na Tabela 4.4, foi $H_0 : \sigma_q^2 = 0$. Os níveis de significância obtidos apontam para a rejeição desta hipótese; portanto, a inclusão da interação GG^aGC proporcionou melhoria significativa no ajuste dos modelos, independente dos demais efeitos fixos considerados. Este resultado corrobora com a importância da interação genótipo x ambiente, conforme demonstrado por Toral et al. (2004), Alencar et al. (2005) e Carvalheiro et al. (2006). A utilização de um modelo que não contempla a interação GG^aGC, poderia provocar alterações nas soluções para os efeitos fixos (Carvalheiro et al., 2006) e nos componentes de (co)variância (Alencar et al., 2005), o que poderia reduzir a eficiência de identificação dos animais, geneticamente, superiores e reduzir o progresso genético.

No presente caso, esta interação significativa entre os grupos genéticos e os grupos de contemporâneos poderia ser explicada por uma interação genótipo x ambiente típica, em que as diferenças entre os genótipos dependem dos ambientes considerados e, ou pela adoção de alternativas de manejo específicas para cada grupo genético, especialmente manejo nutricional, pois, não há informação para avaliar se os animais de GG^as distintos, em um mesmo GC, foram criados no mesmo grupo de manejo.

Na Tabela 4.5, são apresentados os valores dos critérios, utilizados para comparação de modelos com diferentes alternativas para modelagem

de efeitos fixos, $-2\ln(L)$, AIC e CAIC, o número de componentes de (co)variância do modelo e o posto da matriz de delineamento.

Tabela 4.5 - Valores da função de verossimilhança restrita ($-2\ln(L)$), do critério de informação de Akaike (AIC) e do AIC consistente (CAIC), número de componentes de (co)variância do modelo (k) e posto da matriz de delineamento (p(X))

Modelo ¹	$-2\ln(L)$	AIC	CAIC	k	p(X)
B	404.909,7	413.869,7	458.446,6	6	4.474
E	404.660,5	413.628,5	458.245,2	6	4.478
F	404.552,3	413.534,3	458.220,6	6	4.485
G	371.767,8	389.835,8	479.726,8	5	9.029

¹Ver Material e Métodos para descrição detalhada dos modelos.

Os critérios de ajuste ($-2\ln(L)$ e AIC), proporcionados pelo modelo G, foram os mais próximos de zero, dentre os modelos avaliados. Atualmente, este modelo é adotado para avaliação genética dos animais da raça Canchim, para características de crescimento. Neste modelo, o efeito de grupo genético é considerado como sendo parte do grupo de contemporâneo, portanto, não permitindo que os desempenhos dos diferentes grupos genéticos sejam estimados e comparados. Outro ponto, que deve ser levado em consideração, é o menor aproveitamento dos dados disponíveis, caso o modelo G seja escolhido. Isto ocorre porque, com a concatenação da variável GG^a ao GC, são formados grupos de contemporâneos menores e o número de GC com apenas uma observação aumenta. No presente caso, após a concatenação da variável GG^a ao GC, o número de subclasses com apenas uma observação aumentou para 2.231. Estes 2.231 dados de P225 poderiam ser desconsiderados, pois não contribuiriam para a estimação de componentes de variância e predição dos valores genéticos.

Considerando o critério CAIC, que é mais rigoroso que $-2\ln(L)$ e AIC e leva à escolha de modelos com parametrização mais eficiente, o modelo de melhor ajuste foi o F, seguido-se os modelos E, B e G. De acordo com este critério, o modelo G é o mais penalizado por que sua matriz de incidência de efeitos fixos apresenta posto maior que as demais.

O ajuste proporcionado pelo modelo E foi melhor que o proporcionado pelo modelo B, como indicam os valores de $-2\ln(L)$, AIC e CAIC. Como a

diferença entre estes dois modelos é a presença, no modelo E, dos coeficientes b_1 , b_2 , b_3 e b_4 para modelar os efeitos dos PC individuais e maternos e os PH individuais e maternos, respectivamente, pode-se inferir que a hipótese $H_0 : b_1 = b_2 = b_3 = b_4 = 0$ deve ser rejeitada. As soluções para os coeficientes b_1 , b_2 , b_3 e b_4 , obtidas por meio da metodologia de Modelos Mistos e modelo E, foram: 35,973 kg, 11,695 kg, 96,443 kg e 28,190 kg, respectivamente. Este resultado está de acordo com aqueles obtidos por outros autores (Trematore et al., 1998; Roso & Fries, 2000; Carvalheiro et al., 2006; Pimentel et al., 2006).

Com relação ao valor positivo estimado para o coeficiente, utilizado para o PC do animal, concorda-se com a explicação de Trematore et al. (1998). Segundo esses autores, valores positivos seriam esperados em razão das características dos dois grupos de raças, utilizadas nos cruzamentos e indicam efeito positivo dos alelos da raça Charolesa para o aumento do peso à desmama. A Charolesa é uma raça de grande porte e possui elevado potencial para crescimento, enquanto as raças Zebuínas são menores e apresentam menores potenciais para crescimento (Trematore et al., 1998). Por outro lado, a obtenção de um valor positivo para o PC materno contraria a expectativa de Trematore et al. (1998), que encontraram um valor negativo para este coeficiente e atribuíram isto ao fato de as vacas com maior PC apresentarem maiores exigências nutricionais que, nas condições em que os dados utilizados por eles foram obtidos, não poderiam ser completamente atendidas, prejudicando o desempenho de seus bezerros. No presente caso, as médias dos PC das vacas nos grupos de contemporâneos com regimes alimentares diferentes de pasto foram maiores que a média do PC das vacas nos grupos com regime alimentar de pasto, sugerindo uma preocupação dos criadores no sentido de fornecer melhores condições alimentares para as vacas mais exigentes e, pelo menos parcialmente, contribuindo para explicar a obtenção de uma solução positiva para o coeficiente de PC das vacas, que indica que quanto maior o PC materno, mais pesados serão seus bezerros à desmama.

As soluções para os coeficientes de regressão dos PH diretos e maternos também foram positivas, confirmando os resultados de Trematore

et al. (1998) e de Roso & Fries (2000), indicando a importância de efeitos genéticos não-aditivos (heterozigose) sobre características de crescimento (no caso da heterozigose individual) e sobre a habilidade materna (no caso da heterozigose materna). Os resultados obtidos por Cerdótes et al. (2004) ajudam a explicar o efeito positivo da heterozigose materna sobre o peso à desmama. Esses autores verificaram que a produção de leite das vacas F1 Charolês-Nelore, que apresentam 100% de heterozigose, é maior que a produção dos grupos genéticos parentais. Dessa forma, é possível que quanto maior o nível de heterozigose da vaca, maior seria sua produção de leite e melhores as condições para o desenvolvimento do bezerro.

Os critérios de ajuste obtidos para o modelo F, que considera o GG^a do bezerro como efeito fixo classificatório, foram mais próximos de zero que aqueles obtidos para o modelo E, em que os efeitos genéticos diretos e maternos são modelados por meio de regressão múltipla, sugerindo melhor ajuste do modelo F, em relação ao modelo E. Este resultado está de acordo com aqueles obtidos por Alencar et al. (1998) e Trematore et al. (1998) que avaliando a inclusão das composições genéticas e heterozigoses, individuais e maternas, como regressão múltipla (efeitos lineares) ou como sendo variáveis classificatórias, para análise do peso à desmama de bezerros cruzados Charolês-Nelore, verificaram que apenas a inclusão dos coeficientes lineares para esses fatores não foi suficiente para explicar o comportamento da característica. Para explicar esta diferença no ajuste dos modelos, concorda-se com Trematore et al. (1998), que sugeriram que efeitos epistáticos, de ligação gênica e, ou não-lineares podem ser responsáveis por parte da variação existente entre grupos genéticos, para o peso à desmama de bezerros cruzados Charolês-Nelore. Efeitos significativos da epistasia e da complementaridade sobre características pré-desmama de bezerros cruzados Hereford-Nelore foram obtidos, por Carvalheiro et al. (2006) e Pimentel et al. (2006).

No modelo F, apenas os dados pertencentes à determinada subclasse (no caso, grupo genético) são utilizados para estimar seu efeito. Isto pode gerar soluções incoerentes para as subclasses com número reduzido de dados, prejudicando a avaliação genética. No modelo E, os dados de todos os grupos genéticos podem contribuir para a obtenção das

soluções e, dessa forma, possibilitar a obtenção de soluções mais adequadas para alguns grupos genéticos, especialmente para grupos com menor número de observações. As soluções para os GG^a presentes na base de dados, considerando-se regressão múltipla (modelo E) ou agrupamento em classes (modelo F) para modelagem dos efeitos genéticos raciais e heteróticos, bem como as médias para os PC e PH dos bezerros e vacas, são apresentados na Tabela 4.6.

Tabela 4.6 - Médias para os percentuais de alelos de origem da raça Charolesa (PC) e de heterozigose (PH) dos bezerros e vacas, soluções para os grupos genéticos (GG^a) presentes na base de dados, considerando regressão múltipla (modelo E) ou agrupamento em classes (modelo F) para modelagem dos efeitos genéticos raciais e heteróticos, e número de observações em cada GG^a (N)

GG ^a	Bezerro ¹		Vaca		Solução (kg) ²		N
	PC	PH	PC	PH	modelo ³ E	modelo F	
1	0,2344	0,4688	0,4688	0,5469	-13,741	14,446	7
2	0,2500	0,5000	0,5000	1,0000	2,967	11,637	39
3	0,3081	0,6162	0,6162	0,4728	2,761	0,959	20
4	0,4664	0,5451	0,3126	0,6253	2,347	7,729	124
5	0,5457	0,5076	0,4687	0,5468	1,196	4,031	252
6	0,5590	0,5000	0,5000	1,0000	14,083	6,257	1.232
7	0,6249	0,7501	0,2499	0,4997	23,546	20,106	314
8	0,5886	0,4860	0,5595	0,5010	0,427	0,504	4.973
9	0,6239	0,4694	0,6250	0,7500	7,881	10,792	1.124
10	0,6190	0,4716	0,6177	0,4722	0,000	0,000	32.631
11	0,6462	0,4575	0,6562	0,6877	6,144	12,299	5.680
12	0,6562	0,6877	0,3123	0,6247	22,907	21,478	10.569

¹GG^{a1}, Bezerro 1/4 Ch + 3/4 Z filho de vaca T1; GG^{a2}, bezerro 1/4 Ch + 3/4 Z filho de vaca T2; GG^{a3}, bezerro A filho de vaca Canchim; GG^{a4}, bezerro T1 filho de vaca A; GG^{a5}, bezerro V filho de vaca T1; GG^{a6}, bezerro V filho de vaca T2; GG^{a7}, bezerro 5/8 Ch + 3/8 Z filho de vaca 1/4 Ch + 3/4 Z; GG^{a8}, bezerro Canchim filho de vaca V; GG^{a9}, bezerro Canchim filho de vaca 5/8 Ch + 3/8 Z; GG^{a10}, bezerro Canchim filho de vaca Canchim; GG^{a11}, bezerro Canchim filho de vaca MA; e GG^{a12}, bezerro MA filho de vaca A.

²Em relação ao GG^{a10}.

³Ver Material e Métodos para descrição detalhada dos modelos.

Na Tabela 4.6, observa-se que os desempenhos dos bezerros 1/4 Ch + 3/4 Z dos grupos genéticos GG^{a1} e GG^{a2}, estimados por meio do modelo F (GG^a como efeito classificatório), foram superiores ao peso estimado para os bezerros Canchim. Quando os desempenhos destes grupos (GG^{a1} e GG^{a2}) são estimados pelo modelo E (regressão múltipla), eles são inferiores (GG^{a1}) ou ligeiramente superiores (GG^{a2}) àquele dos bezerros Canchim (GG^{a10}). Os resultados obtidos com a utilização do modelo E estão mais

próximos àqueles reportados na literatura. Os resultados apresentados por Viana et al. (1962) indicam que a média do peso aos seis meses de idade dos bezerros $1/4$ Ch + $3/4$ Z (filhos de vacas $1/2$ Ch + $1/2$ Z) foi, ligeiramente, inferior (-0,95 kg) à média do peso dos animais Canchim. Alencar et al. (1998) observaram que a média do peso à desmama de bezerros $1/4$ Ch + $3/4$ Z, filhos de vacas Nelore, foi cerca de 22 kg inferior à média do peso à desmama dos bezerros Canchim. É possível que o pequeno número de observações, utilizadas na estimativa do efeito dos grupos GG^{a1} e GG^{a2}, no modelo F, esteja levando a uma estimativa de qualidade inferior àquela obtida com o modelo E, em que os dados dos demais grupos genéticos também contribuem para obtenção das soluções para os coeficientes de regressão, utilizados na modelagem dos efeitos raciais e heteróticos, individuais e maternos.

Os dois modelos estimaram pesos à desmama superiores para os bezerros do grupo A, em relação aos bezerros Canchim. Estes resultados aproximam-se daqueles reportados por Alencar et al. (1998), para bezerros $5/16$ Ch + $11/16$ Z, embora as magnitudes fossem menores (2,761 kg com o modelo E e 0,959 kg com o modelo F) que aquela obtida por esses autores (12,8 kg). Parte desta diferença em magnitude pode ser atribuída ao fato que os bezerros, analisados por Alencar et al. (1998), eram filhos de vacas $5/8$ Ch + $3/8$ Z, com 75% de heterozigose materna, enquanto os bezerros do presente estudo são filhos de vacas Canchim, com 62,5% de heterozigose, aproximadamente.

Com a utilização dos modelos E e F, as superioridades estimadas para os bezerros do grupo T1, em relação aos Canchim, foram de 2,347 kg e 7,729 kg, respectivamente. Como estes animais, bem como os animais do grupo GG^{a5}, são resultantes do cruzamento absorvente de fêmeas Zebu com machos Canchim, seria esperado que seus desempenhos se tornassem mais próximos ao desempenho dos bezerros Canchim, especialmente dos filhos de vacas V, o que pode ser observado na análise das soluções, obtidas com o modelo E.

As soluções para os grupos genéticos GG^{a5} e GG^{a6} foram maiores que as do grupo GG^{a10}, independente do modelo. As maiores heterozigosas, materna e individual, podem ter contribuído para essas

superioridades. As soluções para os grupos GG^{a6} foram maiores que as do grupo GG^{a5}, porém, as magnitudes variaram em função do modelo.

As superioridades das soluções para os bezerros filhos de vacas T2 foram de 12,887 kg e 2,226 kg, em relação às soluções para os filhos de vacas T1, nos modelos E e F, respectivamente. Alencar et al. (1998), comparando o desempenho de bezerros com a mesma composição genética individual, 1/4 Ch + 3/4 Z e 50% de heterozigose, filhos de vacas com 0% ou 100% de heterozigose, Nelore ou F1 Charolês-Nelore, estimaram que os bezerros filhos das vacas F1 foram 10,8 kg mais pesados à desmama que os filhos das vacas Nelore. Esta superioridade dos filhos das vacas F1 pode ser atribuída à maior produção de leite das vacas cruzadas, em relação às puras e não às diferenças raciais, como demonstraram Cerdótes et al. (2004). Dessa forma, o modelo E foi capaz de proporcionar resultados mais próximos dos esperados para os animais do grupo V. Outro fato que, provavelmente, contribuiu para esta superioridade do modelo E, em relação ao F, é que para a obtenção das soluções no modelo de classes foram utilizados, majoritariamente, dados de fêmeas, pois, poucos dados de machos estavam disponíveis para análise.

Comparando os bezerros dos grupos genéticos GG^{a7} com os bezerros GG^{a10}, percebe-se que as maiores diferenças estão relacionadas ao PH individual e PC materno (Tabela 4.6). Estas diferenças poderiam proporcionar diferenças no desempenho dos animais na ordem de 20,1 kg a 23,5 kg, a favor dos bezerros do GG^{a7}. Diferenças entre estes grupos genéticos poderiam ser explicadas pela heterose residual nas gerações avançadas de cruzamentos. Resultados teóricos para raças compostas semelhantes à Canchim (5/8 Ch + 3/8 Z), apresentados por Barbosa (1995), indicam que a heterose residual na geração F3 é de 46,9%. Não foram encontrados resultados experimentais sobre heterose residual, em cruzamentos de duas raças. Todavia, os resultados experimentais para heterose residual sobre o peso aos 200 dias de idade de bovinos na geração F3, em cruzamentos de quatro raças, não foram diferentes ($p > 0,05$) dos valores teóricos (Gregory et al., 1991), confirmando a possibilidade da utilização deste modelo para explicação das diferenças entre GG^{a7} e GG^{a10}.

Não houve diferenças marcantes entre os modelos E e F, quanto à estimação dos desempenhos para os grupos GG^{a8} e GG^{a9}, em relação ao GG^{a10}. As diferenças foram menores para o GG^{a8}, em relação ao GG^{a10}, do que entre o GG^{a9} e GG^{a10}. Nestes casos, os bezerros possuem composições genéticas e níveis de heterozigose semelhantes, enquanto suas mães são diferentes, especialmente em relação à heterozigose. Considerando a associação positiva entre heterozigose e produção de leite da vaca (Cerdótes et al., 2004), a maior heterozigose das vacas 5/8 Ch + 3/8 Z (75%) indica sua capacidade de produzir mais leite que as concorrentes V e Canchim, corroborando o maior peso de suas crias à desmama.

Para o GG^{a11}, os resultados seguem a tendência esperada, de maior peso à desmama que o GG^{a10}, possivelmente em função de fatores já mencionados, como maiores PC individual e materno e maior PH materno. Contudo, a diferença estimada com o modelo F foi superior àquela estimada com o modelo E. Ao utilizar os coeficientes de regressão, estimados por Trematore et al. (1998), para as mesmas covariáveis consideradas no presente trabalho e para a característica peso à desmama de bezerros cruzados Charolês-Nelore, a superioridade de desempenho dos animais do grupo GG^{a11}, em relação aos do GG^{a10}, seria de 8,683 kg. Este valor está entre as soluções obtidas pelos modelos classificatório e de regressão múltipla, contudo, mais próximo do modelo de regressão múltipla.

O desempenho dos animais do grupo genético MA foi superior ao dos animais Canchim em 22 kg, aproximadamente, independente da modelagem adotada. Possivelmente, os maiores PC e PH individuais dos bezerros MA proporcionaram estas diferenças. Este resultado está de acordo com aqueles apresentados por Ipameri Agropecuária (2003), em que a superioridade dos animais MA, para a característica peso à desmama (231 dias), foi de aproximadamente 14 kg, em relação aos Canchim provenientes de diferentes esquemas de cruzamentos, considerando-se uma amostra de machos selecionados. De acordo com o número de registros disponíveis (19% do total), a formação de animais MA tem sido uma alternativa utilizada para o desenvolvimento da raça Canchim, especialmente como forma de incorporar o progresso genético, obtido na raça Charolesa.

Considerando os resultados disponíveis na literatura e o disposto anteriormente, nota-se que as diferenças entre os grupos genéticos foram mais bem estimadas com a utilização do modelo E, em relação ao modelo F e, assim, mesmo este último tendo proporcionado melhor ajuste do ponto de vista estatístico, optou-se por sugerir o modelo E como sendo o mais adequado para a avaliação genética do peso à desmama de bezerros cruzados Charolês-Zebu.

Na Tabela 4.7, são apresentados os parâmetros genéticos e fenotípicos obtidos para o peso à desmama, de acordo com os modelos avaliados.

Tabela 4.7 - Parâmetros genéticos e fenotípicos (P) para o peso à desmama de bezerros cruzados Charolês-Zebu, de acordo com o modelo estatístico

P ²	Modelo ¹						
	A	B	C	D	E	F	G
$\hat{\sigma}_a^2$	155,46	131,03	144,72	144,05	124,67	126,15	110,70
$\hat{\sigma}_m^2$	63,14	54,34	56,89	52,22	50,25	47,74	43,34
$\hat{\sigma}_{am}$	-48,49	-38,94	-52,24	-48,12	-42,67	-40,63	-34,10
$\hat{\sigma}_p^2$	107,20	110,35	113,71	113,22	115,20	114,64	116,25
$\hat{\sigma}_q^2$		41,25			36,53	33,38	
$\hat{\sigma}_e^2$	479,66	478,24	484,83	484,53	482,01	481,32	488,68
$\hat{\sigma}_f^2$	756,96	776,27	747,92	745,91	765,99	762,61	724,87
\hat{h}^2	0,21	0,17	0,19	0,19	0,16	0,17	0,15
\hat{m}^2	0,08	0,07	0,08	0,07	0,07	0,06	0,06
\hat{r}_{am}	-0,49	-0,46	-0,58	-0,55	-0,54	-0,52	-0,49
\hat{p}^2	0,14	0,14	0,15	0,15	0,15	0,15	0,16
\hat{q}^2		0,05			0,05	0,04	
\hat{e}^2	0,63	0,62	0,65	0,65	0,63	0,63	0,67

¹ Ver Material e Métodos para descrição detalhada dos modelos.

²Parâmetros: variâncias genéticas aditivas direta ($\hat{\sigma}_a^2$) e materna ($\hat{\sigma}_m^2$), covariância entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno ($\hat{\sigma}_{am}$), variâncias do efeito de ambiente materno permanente ($\hat{\sigma}_p^2$), da interação entre grupo genético do animal e grupo de contemporâneos ($\hat{\sigma}_q^2$), residual ($\hat{\sigma}_e^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$), herdabilidades para os efeitos genéticos aditivos direto (\hat{h}^2) e materno (\hat{m}^2), correlação genética entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno (\hat{r}_{am}), proporções da variância fenotípica atribuídas ao efeito de ambiente materno permanente (\hat{p}^2), ao efeito da interação entre grupo genético do animal e grupo de contemporâneos (\hat{q}^2) e ao resíduo (\hat{e}^2).

A inclusão da interação GG^aGC proporcionou redução nas variâncias genéticas aditivas direta e materna (B x A, E x C e F x D, Tabela 4.4) e, conseqüentemente, as herdabilidades também diminuíram, indicando que, nos modelos que não contemplaram a interação, as variâncias genéticas aditivas e herdabilidades estavam sendo inflacionadas. Uma das conseqüências da superestimação das variâncias genéticas aditivas e herdabilidades, quando a seleção é baseada nos BLUPs, é a tendência em atribuir maior importância às informações dos próprios animais em relação ao pedigree e aos dados da progênie (Carneiro et al., 2001), reduzindo a eficiência da identificação do potencial genético dos mesmos.

As variações observadas para os componentes de (co)variância e demais parâmetros considerados, em razão de considerar a regressão múltipla ou o efeito classificatório para modelar os efeitos raciais e heteróticos (D x C e F x E), foram de pequena magnitude, sugerindo que aqueles fatores genéticos não-aditivos (epistasia e ligação gênica), que provavelmente proporcionaram ajustes estatisticamente diferentes para os modelos, não foram suficientes para causar alterações de grande magnitude nos parâmetros obtidos.

Quando a interação GG^aGC foi considerada como efeito fixo (modelo G), houve redução nas variâncias genéticas aditivas e fenotípica e aumento na variância de ambiente materno permanente e residual, em relação aos demais modelos considerados. Este fato sugere que parte da variância da interação GG^aGC estava sendo absorvida pelas variâncias genéticas e inflacionando as estimativas de herdabilidade, semelhante ao observado por Alencar et al. (2005) para os pesos à desmama e aos doze meses de idade de bovinos Canchim.

De modo geral, os valores de herdabilidade direta obtidos no presente estudo, que variaram entre 0,15 e 0,21, foram inferiores aos valores de 0,48 e 0,35 estimados por Mello et al. (2002) e Toral et al. (2007), respectivamente, utilizando apenas os dados de animais da raça Canchim, filhos de vacas Canchim, mas semelhantes ao valor de 0,17, obtido por Barichello et al. (2007). As estimativas da herdabilidade materna, que neste estudo variaram entre 0,06 e 0,08, foram superiores ao valor de 0,04 estimado por Mello et al. (2002) e semelhante à estimativa de 0,09, obtida

por Barichello et al. (2007). É possível que além das diferenças entre as bases de dados, a inclusão dos efeitos de grupos genéticos tenha contribuído para a obtenção de valores diferentes. Estas estimativas de herdabilidade indicam que a seleção pode ser utilizada como ferramenta, para modificar a composição genética dos rebanhos, no sentido de aumentar o peso à desmama. Contudo, a utilização de cruzamento também pode ser uma opção para alcançar este objetivo.

As proporções da variância fenotípica, atribuídas ao efeito de ambiente materno permanente, variaram entre 0,14 e 0,16, valores semelhantes ao de 0,14, estimado por Mello et al. (2002), evidenciando a importância destes efeitos para a expressão do peso à desmama dos bezerras. A correlação entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno variou entre -0,58 e -0,46. Mercadante & Lôbo (1997), trabalhando com dados de bezerras Nelore, bem como Mello et al. (2002), trabalhando com dados de bezerras machos e fêmeas da raça Canchim, obtiveram valores próximos a zero para esta correlação. Essas diferenças para a correlação entre os efeitos direto e materno podem ser atribuídas, em parte, às diferenças na estrutura dos dados, no número de mães e de avós com seus próprios dados de desempenho, sendo que, quanto maior for o número de mães e avós com seus próprios dados e o número de filhos por mãe, melhores serão as estimativas (Maniatis & Pollott, 2003).

Conforme demonstrado nos testes estatísticos, a inclusão da interação GG^aGC proporcionou melhoria no ajuste dos modelos e foi responsável por, aproximadamente, 5% da variância fenotípica. Este efeito aleatório pode ser visto como uma alternativa a ser considerada nas avaliações genéticas de animais cruzados, o efeito da interação genótipo x ambiente e diferenças de manejo não registradas e dadas à animais de grupos genéticos diferentes na mesma fazenda.

De modo geral, os diferentes modelos proporcionaram partições diferentes, apenas, para as (co)variâncias genéticas e fenotípicas, não provocando alterações nas variâncias residuais, que representaram entre 62% e 67% da variância fenotípica. Estes valores sugerem uma possível ocorrência de outros fatores ambientais e, ou genéticos, que podem influenciar o peso à desmama nessa população e que não foram

considerados nos modelos utilizados, como interações touro x ano, touro x fazenda e touro x GC.

Nas tabelas 4.8 e 4.9, são apresentadas as correlações de Spearman entre as DEPs para os efeitos genéticos aditivos direto e materno de P225, obtidas com os diferentes modelos estatísticos, para touros (Tabela 4.8) e vacas (Tabela 4.9) utilizados na formação de animais Canchim e MA, com filhos avaliados nos últimos cinco anos.

Tabela 4.8 - Correlações de Spearman entre as DEPs (Diferença Esperada na Progenie) para efeitos genéticos aditivos direto (acima da diagonal) e materno (abaixo da diagonal) de peso à desmama, obtidas com os diferentes modelos avaliados, para os touros utilizados na obtenção de animais Canchim e MA, com filhos avaliados nos últimos cinco anos

Modelo	Modelo ¹								
	A	B	C	C _{aj}	D	E	E _{aj}	F	G
	Touros 5/8 Ch + 3/8 Z (4), Canchim (614) e MA (44)								
A		0,99	0,97	0,98	0,94	0,96	0,97	0,92	0,83
B	0,99		0,97	0,98	0,94	0,97	0,98	0,94	0,87
C	0,97	0,97		1,00	0,99	0,99	0,99	0,98	0,90
C _{aj}	0,98	0,97	1,00		0,98	0,99	0,99	0,96	0,88
D	0,94	0,94	0,99	0,99		0,99	0,98	0,99	0,92
E	0,97	0,97	0,99	0,99	0,99		0,99	0,99	0,93
E _{aj}	0,98	0,98	0,99	0,99	0,98	1,00		0,98	0,92
F	0,94	0,95	0,98	0,98	1,00	0,99	0,99		0,95
G	0,92	0,94	0,95	0,95	0,95	0,97	0,97	0,97	
	Touros Charoleses (128)								
A		0,97	0,98	0,98	0,97	0,95	0,95	0,95	0,63
B	0,99		0,95	0,95	0,94	0,97	0,97	0,96	0,74
C	0,97	0,95		1,00	1,00	0,97	0,97	0,97	0,66
C _{aj}	0,97	0,95	1,00		1,00	0,97	0,97	0,97	0,66
D	0,88	0,87	0,96	0,96		0,97	0,97	0,97	0,66
E	0,96	0,97	0,98	0,98	0,95		1,00	1,00	0,78
E _{aj}	0,96	0,97	0,98	0,98	0,95	1,00		1,00	0,78
F	0,89	0,90	0,96	0,96	0,98	0,97	0,97		0,77
G	0,66	0,73	0,70	0,70	0,72	0,78	0,78	0,80	

¹ Ver Material e Métodos para descrição detalhada dos modelos. C_{aj} e E_{aj} representam os modelos C e E com ajustes nas DEPs para efeitos raciais.

Tabela 4.9 - Correlações de Spearman entre as DEPs (Diferença Esperada na Progenie) para efeitos genéticos aditivos direto (acima da diagonal) e materno (abaixo da diagonal) de peso à desmama, obtidas com os diferentes modelos avaliados, para as vacas utilizadas na obtenção de animais Canchim e MA, com filhos avaliados nos últimos cinco anos

Modelo	Modelo ¹								
	A	B	C	C _{aj}	D	E	E _{aj}	F	G
	Vacas V (537), 5/8 Ch + 3/8 Z (125), Canchim (8.419) e MA (1.999)								
A		0,99	0,90	0,94	0,81	0,88	0,92	0,80	0,72
B	0,99		0,91	0,94	0,83	0,91	0,94	0,83	0,77
C	0,96	0,96		0,98	0,98	0,99	0,98	0,97	0,90
C _{aj}	0,97	0,97	1,00		0,95	0,98	0,99	0,94	0,87
D	0,88	0,88	0,97	0,96		0,98	0,94	0,99	0,94
E	0,95	0,96	0,99	0,99	0,97		0,98	0,98	0,94
E _{aj}	0,97	0,97	0,99	0,99	0,95	0,99		0,95	0,90
F	0,88	0,89	0,97	0,95	1,00	0,98	0,96		0,96
G	0,85	0,88	0,92	0,91	0,94	0,95	0,93	0,96	
	Vacas A (3.088)								
A		1,00	0,97	0,97	0,93	0,96	0,96	0,93	0,89
B	0,99		0,96	0,96	0,93	0,97	0,97	0,94	0,91
C	0,99	0,98		1,00	0,98	0,99	0,99	0,98	0,92
C _{aj}	0,99	0,99	1,00		0,98	0,99	0,99	0,98	0,92
D	0,99	0,98	1,00	1,00		0,98	0,98	0,99	0,92
E	0,99	0,99	1,00	1,00	0,99		1,00	0,99	0,94
E _{aj}	0,99	0,99	1,00	1,00	0,99	1,00		0,99	0,94
F	0,99	0,99	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00		0,95
G	0,92	0,95	0,93	0,93	0,92	0,95	0,95	0,94	

¹ Ver Material e Métodos para descrição detalhada dos modelos. C_{aj} e E_{aj} representam os modelos C e E com ajustes nas DEPs para efeitos raciais.

As análises das tabelas 4.8 e 4.9 indicam que, em geral, o comportamento das correlações foi semelhante, independente da utilização das DEPs dos touros ou das vacas, tanto para o efeito genético aditivo direto quanto para o efeito genético aditivo materno. Contudo, é importante ressaltar que a análise das correlações entre DEPs, obtidas por meio de diferentes modelos, pode ser utilizada apenas para verificar se as alternativas consideradas alteram, ou não, a classificação dos animais. Elas não podem ser utilizadas para se obter conclusões a respeito da superioridade de um modelo ou de outro, pois as DEPs verdadeiras não são conhecidas.

As correlações de Spearman entre as DEPs dos modelos sem e com a inclusão da interação GG^aGC como efeito aleatório não correlacionado,

aproximaram-se da unidade em todas as situações analisadas, sugerindo que esta fonte de variação, mesmo com a melhora de ajuste dos modelos, não altera a classificação dos reprodutores. Resultados semelhantes foram obtidos, ao analisar as correlações entre as DEPs dos modelos sem e com os efeitos genéticos (raciais e heteróticos). Como foram encontrados efeitos significativos (tabelas 4.4 e 4.5), é possível que eles tenham provocado apenas alterações nas diferenças entre as DEPs, o que teria reflexo no progresso genético do rebanho.

As alterações de pequena magnitude nas classificações dos reprodutores, quando os efeitos genéticos raciais e heteróticos foram modelados por meio de regressão múltipla (E e E_{aj}) ou com a utilização do efeito classificatório de GG^a (modelo F), reforçam a possibilidade de adoção do modelo menos parametrizado (modelo E) para a predição das DEPs para a característica peso à desmama.

De modo geral, as maiores alterações de classificação foram obtidas nas comparações das DEPs, obtidas com o modelo G (modelo utilizado atualmente) e os demais modelos. Dentre essas, aquelas envolvendo os modelos E e F foram as maiores. Este resultado é relevante porque implicaria em alterações na classificação dos reprodutores, considerados ativos no rebanho. Com base nos critérios de ajuste utilizados neste trabalho, especialmente o CAIC e a interpretação biológica dos resultados, os modelos E e F demonstraram superioridade, em relação ao modelo G. Além disso, com a utilização do modelo E, que modela os efeitos raciais e heteróticos por meio de regressão múltipla, seria possível obter soluções mais adequadas, do ponto de vista biológico, para grupos genéticos com menor número de observações, bem como ajustar as DEPs de tal modo que reprodutores de diferentes grupos genéticos, mas que são utilizados para a produção de animais Canchim, possam ser comparados sob a pressuposição de homogeneidade de variâncias. Contudo, a possibilidade de existência de variâncias genéticas diferentes entre grupos genéticos analisados em conjunto, também, requer estudos, antes da implementação de qualquer modelo para avaliação genética de populações cruzadas.

4.4. Conclusões

A interação entre o grupo genético do bezerro e o grupo de contemporâneos é uma fonte de variação importante, sendo que sua inclusão nos modelos para avaliação genética de bezerros cruzados Charolês-Zebu, para o peso à desmama, pode contribuir para a identificação do potencial genético dos reprodutores, a partir da utilização de dados de campo.

Os efeitos das composições raciais e heteróticas do bezerro e da vaca podem ser modelados por meio da utilização de regressão múltipla. Este modelo possibilita, ainda, ajustar as DEPs de reprodutores de diferentes grupos genéticos, de modo que elas possam ser comparadas, assumindo-se que as variâncias dos grupos genéticos envolvidos sejam iguais.

4.5. Literatura Citada

- ABCCAN-Embrapa-Genepplus. **Sumário de touros Canchim, MA e Charolês. Edição Outono / 2004.** Campo Grande: Genepplus Consultoria Agropecuária LTDA, 2004.
- ABDEL-AZIZ, M.; SCHOEMAN, S.J.; JORDAAN, G.F. Estimation of additive, maternal and non-additive genetic effects of preweaning growth traits in a multibreed beef cattle project. **Animal Science Journal**, v.74, n.3, p.169-179, 2003.
- ALENCAR, M.M.; TREMATORE, R.L.; OLIVEIRA, J.A.L. Características de crescimento até a desmama de bovinos da raça Nelore e cruzados Charolês-Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.27, n.1, p.40-46, 1998.
- ALENCAR, M.M.; MASCIOLI, A.S.; FREITAS, A.R. Evidências de interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.2, p.489-495, 2005.
- BARBOSA, P.F. **Heterose, heterose residual e efeitos da recombinação em sistemas de cruzamento de bovinos.** Sociedade Brasileira de Genética, 1995. p.135-243 (Série monografias, número 2).

- BARICHELO, F.; ALENCAR, M.M.; TORRES JÚNIOR, R.A.A. et al. Estimativas de herdabilidade de peso, perímetro escrotal e escores de avaliação visual à desmama, em bovinos da raça Canchim. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 44., 2007, Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal: Sociedade Brasileira de Zootecnia, [2007] (CD-ROM).
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. **A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variance and covariance (DRAFT)**. Lincon: Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995, 120p.
- BOZDOGAN, H. Model selection and Akaike's information criterion (AIC): the general theory and its analytical extensions. **Psychometrika**, v.52, n.3, p.345-370, 1987.
- CARNEIRO, A.P.S.; TORRES, R.A.; EUCLYDES, R.F. et al. Efeito da conectividade de dados sobre o valor fenotípico médio e a variância genética aditiva. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.2, p.336-341, 2001.
- CARVALHEIRO, R. PIMENTEL, E.C.G.; CARDOSO, V. et al. Genetic effects on preweaning weight gain of Nelore-Hereford calves according to different models and estimation methods. **Journal of Animal Science**, v.84, n.11, p.2925-2933, 2006.
- CERDÓTES, L.; RESTLE, J.; ALVES FILHO, D.C. et al. Produção e composição do leite de vacas de quatro grupos genéticos submetidas a dois manejos alimentares no período de lactação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.3, p.610-622, 2004.
- CPPSE. Esquemas de acasalamentos para obtenção do Canchim, <http://www.cppse.embrapa.br/cppse/origem.html> (acesso em 02/02/2006).
- ELZO, M.A.; BORJAS, A.R. Perspectivas da avaliação genética multirracial em bovinos no Brasil. **Ciência Animal Brasileira**, v.5, n.4, p.171-185, 2004.
- GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V.; KOCK, R.M. Breed effects and heterosis in advanced generations of composite populations for growth traits in both

- sexes of beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.69, n.8, p.3202-3212, 1991.
- HENDERSON, C.R. KEMPTHORNE, O.; SEARE, S.R. et al. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, v.15, n.2, p.192-218, 1959.
- IPAMERI AGROPECUÁRIA. **Programa de avaliação de touros a campo Canchim Ipameri**. 6ª ed. Jussara: Ipameri Agropecuária, 2003. 22p.
- KENNEDY, B.W.; TRUS, D. Considerations on genetic connectedness between management units under animal model. **Journal of Animal Science**, v.71, n.9, p.2341-2352, 1993.
- LOFGREN, D.L.; STEWART, T.S. Optimal contemporary group structure to maximize genetic progress through genetic evaluation of swine. **Journal of Animal Science**, v.72, n.9, p.2254-2259, 1994.
- MANIATIS, N.; POLLOTT, G.E. The impact of data structure on genetic (co)variance components of early growth in sheep, estimated using an animal model with maternal effects. **Journal of Animal Science**, v.81, n.1, p.101-108, 2003.
- MELLO, S.P.; ALENCAR, M.M.; SILVA, L.O.C. et al. Estimativas de (co)variâncias e tendências genéticas para pesos em um rebanho Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p.1707-1714, 2002.
- MERCADANTE, M.E.Z.; LÔBO, R.B. Estimativas de (co)variâncias e parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno de características de crescimento de fêmeas de um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.26, n.6, p.1124-1133, 1997.
- NETER, J.; KUTNER, M.H.; NACHTSHEIN, C.J. et al. **Applied linear statistical models**. 4.ed. Chicago: Irwin, 1996. 1408p.
- NEWMAN, S.; MAcNEIL, M.D.; REYNOLDS, W.L. et al. Fixed effects in the formation of a composite line of beef cattle: II pre- and postweaning growth and carcass composition. **Journal of Animal Science**, v.71, n.8, p.2033-2039, 1993.
- NOTTER, D.R.; CUNDIFF, L.V. Across-breed expected progeny differences: use of within-breed expected progeny differences to adjust breed

- evaluations for sire sampling and genetic trend. **Journal of Animal Science**, v.69, n.12, p.4763-4776, 1991.
- PAZ, C.C.P.; ALBUQUERQUE, L.G.; FRIES, L.A. Efeitos ambientais sobre ganho de peso no período do nascimento ao desmama em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.1, p.55-64, 1999.
- PIMENTEL, E.C.G.; QUEIROZ, S.A.; CARVALHEIRO, R. et al. Estimativas de efeitos genéticos em bezerros cruzados por diferentes modelos e métodos de estimação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.3 (supl.), p.1020-1027, 2006.
- ROSO, V.M.; FRIES, L.A. Avaliação das heteroses materna e individual sobre o ganho de peso do nascimento ao desmame em bovinos Angus x Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.3, p.732-737, 2000.
- SAS Institute Inc. **Statistical Analysis System user's guide**. Version 9.1. Cary: SAS Institute, USA, 2003.
- SILVEIRA, J.C. McMANUS, C.; MASCIOLI, A.S. et al. Fatores ambientais e parâmetros genéticos para características produtivas e reprodutivas em um rebanho Nelore no Estado de Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.1432-1444, 2004.
- TORAL, F.L.B.; SILVA, L.O.C.; MARTINS, E.N. et al. Interação genótipo x ambiente em características de crescimento de bovinos da raça Nelore no Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.1445-1455, 2004.
- TORAL, F.L.B.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R. Abordagens frequentista e bayesiana para avaliação genética de bovinos da raça Canchim para características de crescimento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.1, p.43-53, 2007.
- TORRES JÚNIOR, R.A.A.; TORAL, F.L.B. Alternative methods for the adjustment of weaning weights of beef cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Book of abstracts...** Belo Horizonte: Permanent International Committee for World Congresses on Genetics Applied to Livestock Production, 2006. p.67.

- TREMATORE, R.L.; ALENCAR, M.M. BARBOSA, P.F. et al. Estimativas de efeitos aditivos e heteróticos para características de crescimento pré-desmama em bovinos Charolês-Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.27, n.1, p.87-94, 1998.
- VAN VLECK, L.D.; CUNDIFF, L.V. Across-breed EPD tables for the year 2005 adjusted to breed differences for birth year of 2003. In: BEEF IMPROVEMENT FEDERATION RESEARCH ANNUAL MEETING, 37., 2005, Billings. **Proceedings...** Billings: Beef Improvement Federation, 2005. p.126-142.
- VIANNA, A.T.; SANTIAGO, M.; PIMENTEL GOMES, F. **Formação do gado de Canchim pelo cruzamento Charolês-Zebu**. 1.ed. Rio de Janeiro: Ministério da Agricultura e Serviço de Informação Agrícola, 1962. 176p.
- WOLFINGER, R. Covariance structure selection in general mixed models. **Communications in Statistics - Simulation**, v.22, n.4, p.1079-1106, 1993.

5. Capítulo 3: Pressuposições Sobre Variâncias na Avaliação Genética do Peso à Desmama de Bovinos Cruzados Charolês-Zebu

Resumo - Este trabalho foi realizado com o objetivo de analisar modelos com variâncias genéticas e, ou residuais heterogêneas, para a avaliação genética do peso à desmama (P225) de bovinos cruzados. Dados de P225 de 56.965 bezerros cruzados Charolês-Zebu foram analisados, considerando-se modelos animais com variâncias genéticas e residuais homogêneas (M1), variâncias genéticas homogêneas e residuais heterogêneas (M2), variâncias genéticas heterogêneas e residuais homogêneas (M3) e variâncias genéticas e residuais heterogêneas (M4). Inferências sobre as distribuições *a posteriori* dos parâmetros foram realizadas, por meio de métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov. De acordo com os critérios de ajuste e de comparação de modelos utilizados, o modelo com variâncias genéticas e residuais heterogêneas (M4) foi o que melhor se ajustou aos dados disponíveis. Grupos de animais com diferentes composições genéticas, expressas como percentuais de alelos de origem da raça Charolesa e de heterozigoses, individuais e maternos, possuem variâncias genéticas diferentes. Estas variâncias podem ser modeladas, como sendo funções lineares das variâncias das raças Charolesa e Zebuínas e da variância atribuída à segregação entre elas. As composições raciais e as heterozigoses, individuais e maternas, o sexo e a idade da vaca ao parto, em conjunto, foram fontes significativas de heterogeneidade de variâncias residuais. Alterações nas médias *a posteriori* das herdabilidades e nas classificações dos reprodutores, com base nas médias *a posteriori* das diferenças esperadas na progênie, ocorreram em função da existência de variâncias genéticas e residuais heterogêneas.

Palavras-chave: Canchim, cruzamento, inferência Bayesiana, melhoramento genético, seleção

Chapter 3: Pressupositions on Variances in the Genetic Evaluation of the Weaning Weight of Charolais-Zebu Crossbred Cattle

Abstract - This study aimed at the analysis of models with genetic and/or heterogeneous residual variances for the genetic evaluation of the weaning weight (W225) in crossbred calves. The W225 data relative to 56,965 Charolais-Zebu crossbred calves were analyzed, by considering animal models with homogeneous residual and genetic variances (M1), heterogeneous residual and homogeneous genetic variances (M2), homogeneous residual and heterogeneous genetic variances (M3) and heterogeneous residual and genetic variances (M4). Inferences on *a posteriori* distributions of the parameters were accomplished by Markov chain Monte Carlo. According to both adjustment and comparison criteria for the used models, the model with heterogeneous residual and genetic variances (M4) was better adjusted to the available data. Groups of animals with different genetic compositions expressed as percent alleles from Charolais breed and heterozygosity either individual and maternal, have different genetic variances. These variances can be modeled as being linear functions of either variances of the Charolais and Zebu breeds and the variance due to segregation between them. The breed composition and heterozygosity either individual and maternal, the calf's sex and age of dam at calving altogether were significant sources of residual heteroskedasticity. Changes in either *a posteriori* averages of the heritability and classifications of the sires, based on *a posteriori* means of the expected progeny differences occurred as a function of the occurrence of heterogeneous residual and genetic variances.

Key words: animal breeding, Bayesian inference, Canchim, crossbreeding, selection

5.1. Introdução

A disseminação da utilização de cruzamentos, como um meio para melhorar a produtividade da bovinocultura de corte, tem sido responsável pelo crescimento do volume de dados de animais cruzados, disponíveis para avaliação genética. Atualmente, o crescente interesse pela utilização de vacas e, ou touros cruzados, em alguns sistemas de produção (Alencar, 2004), têm suscitado a necessidade de desenvolvimento de alternativas para a avaliação genética destes animais, de modo que reprodutores com composições genéticas diferentes possam ser comparados de maneira adequada.

A pressuposição de homogeneidade de variâncias genéticas, normalmente assumida nas avaliações genéticas intra-raciais, pode não ser verdadeira para o caso de populações multirraciais, pois, as raças utilizadas podem ter sido submetidas a processos de seleção distintos, ocasionando modificações em suas constituições genéticas, especialmente média e variância, em sentidos diferentes. Arnold et al. (1992) propuseram uma expansão dos procedimentos de avaliação genética, via Modelos Mistos, para a incorporação dos dados de animais cruzados nas avaliações genéticas, enquanto Lo et al. (1993) propuseram uma alternativa para obtenção de covariância entre parentes em populações multirraciais, considerando variâncias genéticas específicas para as raças puras envolvidas e uma função linear das variâncias genéticas e da variância de segregação entre as raças, para obtenção das variâncias genéticas dos grupos cruzados. A variância da segregação pode ser interpretada como sendo o aumento da variância genética aditiva na geração F₂, em relação à da geração F₁ (Lande, 1981), que pode ser atribuída à ocorrência de recombinação para a formação dos gametas dos pais F₁.

Diferenças em manejo e na precisão da coleta de dados (Martins, 2002; Cardoso et al., 2005), assim como problemas relacionados à modelagem de alguns efeitos ambientais podem provocar heterogeneidade de variâncias residuais em populações de animais puros ou cruzados, sendo que, para contornar estas situações, podem ser utilizados modelos Hierárquicos Bayesianos (Cardoso et al., 2005). Em situações em que

variâncias genéticas e residuais são consideradas homogêneas, mas na verdade, elas não são, é possível que os animais sejam classificados erroneamente e que o progresso genético seja reduzido. Dessa forma, este trabalho foi realizado com o objetivo de analisar diferentes pressuposições sobre as variâncias genéticas e residuais na avaliação genética de bovinos cruzados Charolês-Zebu, para a característica peso à desmama.

5.2. Material e Métodos

Os dados utilizados neste trabalho foram fornecidos pela Associação Brasileira de Criadores de Canchim (ABCCAN) e incluíram os dados genealógicos e os pesos ao nascimento (PN) e à desmama (PD) de bezerros cruzados Charolês-Zebu, envolvidos na obtenção de animais da raça Canchim. Os esquemas de acasalamento, aceitos pela ABCCAN, para a formação desta raça podem ser obtidos em CPPSE (2006).

O percentual de alelos de origem da raça Charolesa (PC) de cada animal foi obtido por meio da média do PC de seus pais, a partir do ascendente mais antigo. O percentual de heterozigose (PH) foi obtido, por meio da expressão

$$PH_i = PC_{p_i} \times (1 - PC_{m_i}) + PC_{m_i} \times (1 - PC_{p_i}), \quad [5.1]$$

em que: PH_i é o percentual de heterozigose do indivíduo i ; PC_{p_i} é o percentual de alelos de origem da raça Charolesa do pai de i ; e PC_{m_i} é o percentual de alelos de origem da raça Charolesa da mãe de i . Quando a identificação de um ascendente qualquer era desconhecida, mas seu grupo genético era conhecido, consideraram-se como o PC e como o PH do ascendente desconhecido, os valores teóricos médios obtidos com base nos esquemas apresentados em CPPSE (2006). Em algumas situações, o mesmo grupo genético pode ser obtido em mais de um cruzamento como, por exemplo, grupos V e Canchim. Nesses casos e, também, quando se conhecia apenas o grupo genético do ascendente, optou-se por considerar que este ascendente era proveniente daquele cruzamento mais utilizado.

Os PC teóricos médios, considerados para os grupos Zebu, 1/4 Charolês + 3/4 Zebu, A (Canchim X Zebu), T1, T2, V (Esquema III de CPPSE, 2006), 5/8 Charolês + 3/8 Zebu, Canchim (Esquema I de CPPSE,

2006), MA e Charolês foram: 0; 0,25; 0,3125; 0,46875; 0,5; 0,5625; 0,625; 0,625; 0,65625 e 1, respectivamente; e os PH, para estes grupos genéticos, na mesma ordem, foram: 0; 0,5; 0,625; 0,546875; 1; 0,5; 0,75; 0,46875; 0,6875 e 0.

Para modelagem dos efeitos da interação entre fatores ambientais e genéticos, os bezerros foram reunidos em grupos (GG^a), de acordo com as composições genéticas individuais e maternas. A definição de GG^a possibilitou a diferenciação de animais considerados do mesmo grupo, segundo as definições da ABCCAN, mas que são provenientes de diferentes esquemas de cruzamento, especialmente em função de diferenças raciais e heteróticas existentes entre suas mães. Foram considerados os seguintes GG^a : GG^{a1} = bezerro 1/4 Ch + 3/4 Z filho de vaca T1; GG^{a2} = bezerro 1/4 Ch + 3/4 Z filho de vaca T2; GG^{a3} = bezerro A filho de vaca Canchim; GG^{a4} = bezerro T1 filho de vaca A; GG^{a5} = bezerro V filho de vaca T1; GG^{a6} = bezerro V, filho de vaca T2; GG^{a7} = bezerro 5/8 Ch + 3/8 Z filho de vaca 1/4 Ch + 3/4 Z; GG^{a8} = bezerro Canchim filho de vaca V; GG^{a9} = bezerro Canchim filho de vaca 5/8 Ch + 3/8 Z; GG^{a10} = bezerro Canchim filho de vaca Canchim; GG^{a11} = bezerro Canchim filho de vaca MA; e GG^{a12} = bezerro MA filho de vaca A.

Os dados de bezerros gêmeos e, ou provenientes de transferência de embriões, de animais desmamados com idade inferior a 165 dias ou superior a 285 dias, de bezerros filhos de vacas com idade inferior a 730 dias ou superior a 5.490 dias não foram considerados. Os dados de grupos de contemporâneos (GC) com apenas uma observação, também, foram desconsiderados. Os GC foram formados pela concatenação das variáveis: fazenda, ano e época de nascimento (época 1 - nascimentos entre setembro e novembro; época 2 - nascimentos entre dezembro e fevereiro do ano seguinte; época 3 - nascimentos entre março e maio; e época 4 - nascimentos entre junho e agosto), sexo e regime alimentar do bezerro à desmama (RA 1 - pasto; RA 2 - pasto adubado; RA 3 - pasto adubado e pastejo rotacionado; RA 4 - pasto irrigado; RA 5 - suplementado à pasto; e RA 6 - confinado).

Os pesos à desmama foram padronizados para a idade de 225 dias (P225), como

$$P225_i = 225 * \left(\frac{PD_i - PN_i}{idade_i} \right) + PN_i - \beta_j (idade_i - 225), \quad [5.2]$$

em que: $P225_i$ é o peso à desmama, padronizado para 225 dias de idade, do animal i ; PD_i é o peso à desmama real do animal i ; PN_i é o peso ao nascimento do animal i ; $idade_i$ é a idade do animal i à desmama; e β_j é o coeficiente de regressão dos P225 (ajustados para os efeitos de GC) pela idade à desmama, obtido para cada combinação j de grupo genético e sexo do bezerro. Para os animais que não tinham dados de PN, utilizou-se a média de PN de cada combinação de grupo genético e sexo do bezerro. Estes procedimentos foram adotados, pois, em um trabalho de simulação realizado previamente, proporcionaram os menores viéses e média dos resíduos ao quadrado e a maior correlação entre valores verdadeiros e ajustados (Torres Júnior & Toral, 2006).

Em seguida, foi realizada uma análise de variância preliminar a fim de obter os resíduos semi-estudentizados (Neter et al., 1996). Neste caso, no modelo estatístico, foram considerados os efeitos fixos de GC, grupo genético do pai, grupo genético da mãe, e da covariável idade da vaca ao parto (efeitos linear, quadrático e cúbico) aninhada em cada combinação sexo do bezerro x grupo genético da vaca. Os dados com valores absolutos dos resíduos superiores a quatro foram excluídos. Em seguida, foi realizada outra análise de frequência, sendo excluídos os dados dos GC com apenas uma observação.

Após os procedimentos descritos anteriormente, o arquivo de dados permaneceu com 56.965 pesos à desmama, de bezerros nascidos entre janeiro de 1988 e fevereiro de 2005, filhos de 1.600 touros e de 27.122 vacas, netos de 1.929 avôs maternos, distribuídos em 4.458 grupos de contemporâneos de 247 fazendas, localizadas nas regiões Sul (RS, SC e PR), Sudeste (SP, RJ e MG), Centro-Oeste (MS, MT, GO e DF), Nordeste (BA, PE, PI e MA) e Norte (TO e PA). Foram realizadas análises de frequências, para caracterização do banco de dados utilizado.

Para determinação dos animais mantidos no arquivo de pedigree, foi desenvolvido um algoritmo recursivo para manter, na base de pedigrees, apenas os indivíduos com dados e seus ancestrais. Além disso, os

indivíduos que não possuíam dados ou não eram mães de animais com dados, não possuíam ancestrais conhecidos e estavam ligados a apenas um animal no banco de dados, também, foram excluídos do arquivo de pedigree e do pedigree de seu descendente. Tais procedimentos foram repetidos, até que não houvesse mais animais desse tipo. Assim, foi composta uma matriz de parentesco, contendo apenas os dados genealógicos de animais considerados informativos, ou seja, 87.312 animais. Isto reduziu o esforço computacional, pois, a base inicial continha registros de parentesco de 283.063 animais.

Modelos Hierárquicos Bayesianos (Sorensen & Gianola, 2002) foram utilizados, para analisar os dados disponíveis. Para representar o P225 do animal i presente no vetor y (56.965×1) de observações, utilizou-se o modelo linear

$$y_i = \mu + x_i' \beta + z_{1i}' a + z_{2i}' m + z_{3i}' p + z_{4i}' q + e_i, \quad [5.3]$$

em que: μ representa uma constante inerente a todas as observações; β , um vetor (4.478×1) de efeitos fixos (covariáveis e classificatórios); a , um vetor (56.965×1) de efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos; m , um vetor (27.122×1) de efeitos aleatórios genéticos aditivos maternos; p , um vetor (27.122×1) de efeitos aleatórios não correlacionados de ambiente materno permanente; q , um vetor (9.013×1) de efeitos aleatórios não correlacionados da interação entre GG^a e GC; e x_i' , z_{1i}' , z_{2i}' , z_{3i}' e z_{4i}' são vetores linha de incidência conhecidos, que relacionam y_i com β , a , m , p e q , respectivamente. Inicialmente, assumiu-se $e_i \sim NID(0, \sigma_{e_i}^2)$ para todo $i = 1, \dots, 56.965$, em que $\sigma_{e_i}^2$ representa uma variância residual específica para cada i .

No vetor β , foram incluídos os efeitos fixos dos GC (4.458) e coeficientes de regressão para PC e PH, individuais e maternos (4); para o efeito da idade da vaca ao parto, ajustado por um polinômio segmentado linear + quadrático - quadrático - quadrático, com nós aos 6,33 anos e 10,66 anos, aninhado em sexo do bezerro (8); e para o efeito da interação entre idade da vaca ao parto e PC materno, aninhada em sexo do bezerro (8). Dessa forma, a curva para o efeito da IVP sobre P225 de uma vaca pode ser

obtida por meio da combinação das curvas das vacas Zebuínas e Charolesas, ponderada pelo PC da vaca.

As variâncias residuais foram consideradas como funções multiplicativas dos efeitos fixos:

$$\sigma_{e_i}^2 = \sigma_e^2 \left(\prod_{m=1}^{20} (\gamma_m)^{p_{mi}} \right), \quad [5.4]$$

em que: σ_e^2 funciona como um parâmetro de referência na equação [5.4], semelhante ao que μ representa na equação [5.3], mas numa escala multiplicativa; e $\gamma = [\gamma_1 \ \gamma_2 \ \dots \ \gamma_{20}]$ especifica parâmetros de regressão, que podem provocar heterogeneidade de variâncias residuais, utilizando informações na forma de covariáveis $p_i = [p_{1i} \ p_{2i} \ \dots \ p_{20i}]$ específicas para cada animal i .

Foi assumida a seguinte densidade *a priori* para os efeitos fixos: $\beta | \beta_0, V_\beta \sim N(\beta_0, V_\beta)$, em que β_0 e V_β são hiperparâmetros de uma distribuição uniforme (*uniforme bounded*). Para os efeitos aleatórios, foram assumidas as seguintes densidades *a priori*: $a | \varphi_a \sim N(0, G(\varphi_a))$; $m | \varphi_m \sim N(0, G(\varphi_m))$; $p | \sigma_p^2 \sim N(0, I_{27.122} \sigma_p^2)$; $q | \sigma_q^2 \sim N(0, I_{9.013} \sigma_q^2)$, em que: I_t representa matrizes identidades de ordem t ; σ_p^2 , a variância do efeito de ambiente materno permanente; e σ_q^2 , a variância do efeito da interação GG^aGC.

Em populações multirraciais, as matrizes de (co)variância genéticas aditivas $G(\varphi_a)$ e $G(\varphi_m)$ podem ser funções de mais de um parâmetro de dispersão, contidos em φ_a e φ_m (Cardoso & Tempelman, 2004). O $i^{\text{ésimo}}$ elemento da diagonal das matrizes e $G(\varphi_a)$ e $G(\varphi_m)$ foram computados, utilizando-se o método tabular proposto por Lo et al. (1993), ou

$$\sigma_{a_i}^2 = f_{C_i} \sigma_{a_c}^2 + f_{Z_i} \sigma_{a_z}^2 + 2(f_{C_{p_i}} f_{Z_{p_i}} + f_{C_{m_i}} f_{Z_{m_i}}) \sigma_{S_{a_{CZ}}}^2 + 0,5 \text{cov}(a_{p_i}, a_{m_i}), [5.5]$$

em que: f_{C_i} , $f_{C_{p_i}}$ e $f_{C_{m_i}}$ representam as proporções de alelos de origem da raça Charolesa do animal i , de seu pai e de sua mãe, respectivamente; f_{Z_i} , $f_{Z_{p_i}}$ e $f_{Z_{m_i}}$, as proporções de alelos de origem das raças Zebuínas do

animal i , de seu pai e de sua mãe, respectivamente; a_{p_i} e a_{m_i} , os efeitos genéticos aditivos direto do pai e da mãe de i , respectivamente; $\sigma_{a_c}^2$ e $\sigma_{a_z}^2$, as variâncias genéticas aditivas diretas das raças Charolesa e Zebuínas, respectivamente; e $\sigma_{Sa_{CZ}}^2$, a variância atribuída à segregação entre as raças Charolesa e Zebuínas. As $\sigma_{m_i}^2$ foram calculadas de maneira semelhante ao exposto em [5.5], substituindo-se as variâncias genéticas aditivas diretas pelas maternas.

$(G(\varphi_a))^{-1}$ foi computada, como

$$(G(\varphi_a))^{-1} = (I - P)(\Omega(\varphi_a))^{-1}(I - P), \quad [5.6]$$

em que: I é uma matriz identidade de ordem 87.312; P , uma matriz relacionando as progênes aos pais; e $\Omega(\varphi_a)$, uma matriz diagonal com o i -ésimo elemento definido como

$$\omega_i = \sigma_{a_i}^2 - 0,25(\sigma_{a_{p_i}}^2 + \sigma_{a_{m_i}}^2) - 0,5\text{cov}(a_{p_i}, a_{m_i}). \quad [5.7]$$

$(G(\varphi_m))^{-1}$ foi computada de maneira semelhante ao exposto em [5.6], substituindo-se as variâncias genéticas aditivas diretas pelas maternas.

Foram assumidas densidades *a priori* do tipo χ^2 invertida, para todos os componentes de variância: $\sigma_e^2 | \nu_e, s_e^2 \sim s_e^2 \chi_{\nu_e}^{-2}$, $\sigma_p^2 | \nu_p, s_p^2 \sim s_p^2 \chi_{\nu_p}^{-2}$, $\sigma_q^2 | \nu_q, s_q^2 \sim s_q^2 \chi_{\nu_q}^{-2}$, $\sigma_{a_c}^2 | \nu_{a_c}, s_{a_c}^2 \sim s_{a_c}^2 \chi_{\nu_{a_c}}^{-2}$, $\sigma_{a_z}^2 | \nu_{a_z}, s_{a_z}^2 \sim s_{a_z}^2 \chi_{\nu_{a_z}}^{-2}$, $\sigma_{Sa_{CZ}}^2 | \nu_{Sa_{CZ}}, s_{Sa_{CZ}}^2 \sim s_{Sa_{CZ}}^2 \chi_{\nu_{Sa_{CZ}}}^{-2}$, $\sigma_{m_c}^2 | \nu_{m_c}, s_{m_c}^2 \sim s_{m_c}^2 \chi_{\nu_{m_c}}^{-2}$, $\sigma_{m_z}^2 | \nu_{m_z}, s_{m_z}^2 \sim s_{m_z}^2 \chi_{\nu_{m_z}}^{-2}$, e $\sigma_{Sm_{CZ}}^2 | \nu_{Sm_{CZ}}, s_{Sm_{CZ}}^2 \sim s_{Sm_{CZ}}^2 \chi_{\nu_{Sm_{CZ}}}^{-2}$, em que: ν_x e s_x^2 representaram os hiperparâmetros das densidades *a priori*.

Foram consideradas quatro alternativas para análise dos dados de peso à desmama de bezerros cruzados Charolês-Zebu, cujas diferenças estão relacionadas às variâncias residuais e genéticas, especificadas em [5.4] e [5.5], respectivamente:

Modelo 1 (M1) - os parâmetros de regressão especificados em $\gamma = [\gamma_1 \ \gamma_2 \ \dots \ \gamma_{20}]$ foram todos iguais a um, de modo que [5.4] se reduz a $\sigma_{e_i}^2 = \sigma_e^2$; $\sigma_{a_c}^2 = \sigma_{a_z}^2$, $\sigma_{Sa_{CZ}}^2 = 0$, $\sigma_{m_c}^2 = \sigma_{m_z}^2$ e $\sigma_{Sm_{CZ}}^2 = 0$, sendo que as variâncias genéticas para os diferentes grupos genéticos são iguais. Este modelo

equivale a um modelo intra-racial convencional para os efeitos aleatórios, assumindo-se homogeneidade de variâncias genéticas e residuais.

Modelo 2 (M2) - os parâmetros de regressão especificados em $\gamma = [\gamma_1 \ \gamma_2 \ \dots \ \gamma_{20}]$ puderam assumir valores diferentes de um, $\sigma_{a_c}^2 = \sigma_{a_z}^2$, $\sigma_{s_{a_{cz}}}^2 = 0$, $\sigma_{m_c}^2 = \sigma_{m_z}^2$ e $\sigma_{s_{m_{cz}}}^2 = 0$. Este modelo equivale a um modelo com heterogeneidade de variâncias residuais e homogeneidade de variâncias genéticas.

Modelo 3 (M3) - os parâmetros de regressão especificados em $\gamma = [\gamma_1 \ \gamma_2 \ \dots \ \gamma_{20}]$ foram todos iguais a um, de modo que [5.4] se reduz a $\sigma_{e_i}^2 = \sigma_e^2$; variâncias genéticas específicas para cada raça e variância de segregação diferente de zero. Neste modelo, foram consideradas variâncias genéticas heterogêneas e variâncias residuais homogêneas.

Modelo 4 (M4) - nenhuma restrição para os valores dos parâmetros de regressão em [5.4] e das variâncias em [5.5]. Este modelo apresentou variâncias genéticas e residuais heterogêneas.

As inferências para os quatro modelos foram baseadas em métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC) com 220.000 ciclos. As amostras foram obtidas a cada 200 ciclos, desconsiderando-se aquelas provenientes dos 20.000 ciclos iniciais. Para realização dessas análises, utilizou-se o programa INTERGEN, desenvolvido em linguagem Fortran 90 (Cardoso, 2007).

As médias e desvios-padrão *a posteriori* para os parâmetros de interesse, bem como o tamanho efetivo da amostra (TEA), foram calculados. O TEA, obtido para cada parâmetro dos modelos, é uma estimativa do número de amostras independentes, contendo informação equivalente àquela contida nas 1.000 amostras dependentes, obtidas após o período de descarte (Cardoso et al., 2005). Um estimador da variância de Monte Carlo, chamado estimador da seqüência positiva inicial ($Var(\hat{\mu})$), e a auto-covariância temporal da cadeia de Markov ($\hat{\gamma}(0)$) foram utilizados, para calcular o TEA para o parâmetro s ($s = 1, \dots, S$) do modelo w ($w = M1, M2, M3$ e $M4$) (Geyer, 1992, citado por Sorensen & Gianola, 2002), da seguinte forma:

$$TEA_{sw} = \frac{\hat{\gamma}_{sw}(0)}{Var(\hat{\mu}_{sw})}. \quad [5.8]$$

Foram considerados os seguintes critérios de ajuste e de comparação de modelos considerados: Critério de Informação da Deviance (DIC) (Spiegelhalter et al., 2002, citados por Sorensen & Gianola, 2002) e Fator de Bayes (BF) (Good, 1958, citado por Sorensen & Gianola, 2002). No programa INTERGEN, estes critérios são computados do seguinte modo (Cardoso, 2007):

$$DIC_i = \frac{2}{m} \sum_{j=1}^m -2\ln(p(y|\theta^j, M_i)) - 2\ln(p(y|\bar{\theta}, M_i)), \quad [5.9]$$

em que: DIC_i é o DIC para o modelo i (M_i); m é o número de amostras da distribuição *a posteriori*; $p(y|\theta^j, M_i)$ e $p(y|\bar{\theta}, M_i)$ são probabilidades marginais das observações de y , dados θ^j , $\bar{\theta}$ e M_i ; θ^j contém os parâmetros, obtidos na amostra j ; e $\bar{\theta}$ é a média *a posteriori* dos parâmetros. Menores valores de DIC representam melhor ajuste (Sorensen & Gianola, 2002).

$$BF_{i,k} = \exp(-\ln(f_i) + \ln(f_k)), \quad [5.10]$$

em que: $\ln(f) = \ln\left[\frac{1}{m} \sum_{j=1}^m \exp(-\ln(p(y|\theta^j, M))) - c\right] + c$; sendo c o maior valor de $-\ln(p(y|\theta^j, M))$. Valores superiores a um suportam M_i (Sorensen & Gianola, 2002).

Foram consideradas as médias *a posteriori* das Diferenças Esperadas na Progênie (MPDEPs) para os efeitos genéticos aditivos diretos e maternos, dos reprodutores que tiveram, pelo menos, um filho com registro de peso à desmama válido entre março de 2000 e fevereiro de 2005 (últimos cinco anos). As MPDEPs foram ajustadas (MPDEPs_{aj}) por meio de procedimentos semelhantes àqueles adotados por Notter & Cundiff (1991) e Van Vleck & Cundiff (2005), de modo a possibilitar a comparação entre reprodutores de grupos genéticos diferentes, mas que podem ser utilizados para produzir animais da raça Canchim. Foram obtidas MPDEPs_{aj} para touros dos grupos 5/8 Ch + 3/8 Z, Canchim e MA e para vacas dos grupos V, 5/8 Ch + 3/8 Z, Canchim e MA. Também foram obtidas MPDEPs_{aj} para touros

Charoleses e vacas do grupo A, pois, este cruzamento, cujos produtos são do grupo MA, foi responsável por quase 20% dos dados. As MPDEPs_{aj} para os efeitos aditivos diretos ($MPDEP_{aj,i}^d$) e maternos ($MPDEP_{aj,i}^m$) do animal i foram obtidas por

$$MPDEP_{aj,i}^d = MPDEP_i^d + \frac{MPb_1(PC_i)}{2}, \text{ e} \quad [5.11]$$

$$MPDEP_{aj,i}^m = MPDEP_i^m + \frac{MPb_2(PC_i)}{2}, \quad [5.12]$$

em que: $MPDEP_{aj,i}^d$ representa a MPDEP_{aj} do efeito genético aditivo direto do animal i ; $MPDEP_i^d$, a MPDEP do efeito genético aditivo direto do animal i ; MPb_1 , a média *a posteriori* do coeficiente de regressão dos P225 em função dos percentuais de alelos de origem da raça Charolesa (PC) dos animais; PC_i , o PC do animal i ; $MPDEP_{aj,i}^m$ representa a MPDEP_{aj} do efeito genético aditivo materno do animal i ; $MPDEP_i^m$, a MPDEP do efeito genético aditivo materno do animal i ; e MPb_2 , a média *a posteriori* do coeficiente de regressão dos P225 em função dos PC das vacas.

Foram calculadas as correlações de Kendall entre as médias *a posteriori* das diferenças esperadas na progênie (DEPs), diretas e maternas, dos reprodutores dos grupos genéticos utilizados para a produção de animais Canchim e MA, obtidas nas quatro situações avaliadas, utilizando-se os PROC CORR do SAS (SAS, 2003). O coeficiente de correlação de Kendall é uma medida não-paramétrica de associação, baseada no número de concordâncias e discordâncias de observações pareadas, sendo computado da seguinte forma (SAS, 2003):

$$\tau_{ij} = \frac{\sum_{i < j} \text{sgn}(x_i - x_j) \text{sgn}(y_i - y_j)}{\sqrt{(T_0 - T_1)(T_0 - T_2)}}, \quad [5.12]$$

em que: τ_{ij} é o coeficiente de correlação de Kendall entre as classificações nos modelos i e j ; $\text{sgn}(z)$ é igual a 1 se $z > 0$, igual a 0 se $z = 0$ e igual a -1 se $z < 0$; $T_0 = \frac{n(n-1)}{2}$; $T_1 = \sum_k \frac{t_k(t_k-1)}{2}$; $T_2 = \sum_l \frac{u_l(u_l-1)}{2}$; n é o número de observações; t_k é o número de valores iguais de x no $k^{\text{ésimo}}$ grupo de

valores iguais de x ; u_l é o número de valores iguais de y no $l^{\text{ésimo}}$ grupo de valores iguais de y .

5.3. Resultados e Discussão

Na Tabela 5.1, é apresentada a distribuição dos dados de P225 em função dos grupos genéticos dos pais.

Tabela 5.1 - Distribuição dos dados de peso à desmama, em função dos grupos genéticos de vacas (GGV) e de touros (GGT)

GGV	GGT					
	Zebu (Z)	5/8 Ch + 3/8 Z	Canchim	MA	Charolês (Ch)	
1/4 Ch + 3/4 Z					314	314
A			124		10.569	10.693
T1	7		252			259
T2	39		1.232			1.271
V			4.973			4.973
5/8 Ch + 3/4 Z		297	827			1.124
Canchim	20		32.631			32.651
MA			3.390	2.290		5.680
Total	66	297	43.429	2.290	10.883	56.965

Observa-se que os touros e, ou vacas de alguns grupos genéticos não foram utilizados nos cruzamentos, caracterizando uma população multirracial incompleta (Elzo & Borjas, 2004). Isto ocorre por que os cruzamentos nesta população comercial, são direcionados para produção de animais com uma composição genética predeterminada (5/8 Ch + 3/8 Z); além disso, os dados de alguns cruzamentos não são submetidos à Associação e os produtos desses cruzamentos entram no banco de dados, apenas, como matrizes.

Na Tabela 5.2, são apresentados os critérios de ajuste calculados para comparação dos modelos.

Tabela 5.2 - Critério de Informação da Deviance (DIC) para cada modelo, modelo de referência (MR) e Fator de Bayes (BF) para comparação de modelos¹

Modelo	DIC	MR	BF
M1	533.062,78		
M2	524.226,68	M1	$e^{1.072,23}$
M3	532.654,52	M2	$e^{-867,17}$
M4	515.952,56	M1	$e^{205,06}$
		M3	$e^{1.376,23}$
		M2	$e^{509,06}$
		M1	$e^{1.581,29}$

¹M1: variâncias genéticas e residuais homogêneas; M2: variâncias genéticas homogêneas e residuais heterogêneas; M3: variâncias genéticas heterogêneas e residuais homogêneas; M4: variâncias genéticas e residuais heterogêneas.

O menor valor para o DIC do modelo M4 indica que este modelo proporcionou o melhor ajuste, em relação aos demais. Este resultado foi confirmado pelo BF. Os valores de BF, para as comparações do M4 com M3, M2 ou M1 indicam maior chance *a posteriori* do modelo com a hipótese de existência de variâncias genéticas e residuais heterogêneas proporcionar melhor ajuste aos dados de P225, em relação aos modelos com as demais hipóteses consideradas em M3, M2 e M1. Estes resultados estão de acordo com os relatos de Cardoso & Tempelman (2004) e de Cardoso et al. (2005), para a característica ganho em peso pós-desmama de uma população Hereford-Nelore.

Cardoso & Tempelman (2004) verificaram que um modelo, assumindo variâncias genéticas específicas para cada grupo racial (Hereford, Nelore e diversos cruzamentos), proporcionou melhor ajuste que o modelo assumindo homogeneidade de variâncias. Diferenças nas variâncias genéticas podem ser atribuídas a diferentes processos e intensidades de seleção. Enquanto a raça Charolesa passou por um processo de seleção baseado no crescimento, as características de adaptação foram as mais importantes no processo de seleção das raças Zebuínas, pelo menos no passado.

De acordo com Cardoso et al. (2005), o modelo com variâncias residuais heterogêneas proporcionou ajuste mais adequado que o modelo assumindo variância residual homogênea. No presente caso, a variância residual foi modelada como sendo uma função das composições genéticas do bezerro e da vaca, da idade da vaca ao parto e da interação entre idade

ao parto e composição genética da vaca. Variâncias residuais heterogêneas em função da idade da vaca ao parto podem ser explicadas, pelo menos parcialmente, por alterações do número de observações ao longo do tempo, em função do descarte das vacas mais velhas, bem como por problemas na modelagem do efeito da idade da vaca ao parto sobre as características em questão, especialmente para aquelas idades com reduzido número de observações. Para contornar esta situação, é importante que modelos estatísticos adequados à modelagem do efeito da idade da vaca ao parto sobre o peso à desmama, assim como robustos com relação às alterações no número de observações, sejam avaliados e implementados nas avaliações genéticas.

Diferenças nas variâncias residuais, em função do grupo genético, podem ser atribuídas ao fato que, em geral, os animais de grupos genéticos diferentes são submetidos a sistemas de alimentação e manejo diferentes, para que os potenciais genéticos de cada grupo sejam, adequadamente, explorados. A manutenção de, pelo menos, dois grupos genéticos sob os mesmos sistemas de alimentação e manejo (em geral, grupo de contemporâneos) pode ser uma alternativa útil, no sentido de reduzir a influência da heterogeneidade de variâncias residuais nas avaliações genéticas. Contudo, conforme destacado anteriormente, esta medida pode esbarrar em aspectos teóricos e práticos, no momento de sua aplicação nas fazendas, sendo que a melhor alternativa parece ser a utilização de técnicas para considerar a existência de variâncias residuais diferentes para cada grupo genético, como a apresentada no presente trabalho.

O menor valor para o DIC do modelo M2, em relação ao M3, e o valor do BF para a comparação do M2 com M3 indicam maior chance *a posteriori* de o modelo com a hipótese de existência de variâncias residuais heterogêneas (M2) proporcionar melhor ajuste aos dados de P225, em relação ao modelo com a hipótese de existência de variâncias genéticas heterogêneas (M3). Contudo, este resultado não pode ser generalizado, pois, a magnitude das diferenças entre variâncias genéticas e residuais depende das fontes de heterogeneidade (genéticas e residuais), que podem variar entre uma situação e outra.

Na Tabela 5.3, são apresentadas as médias e desvios-padrão *a posteriori* dos efeitos genéticos sobre P225 e o tamanho efetivo das amostras (TEA).

Tabela 5.3 - Médias (MPOS) e desvios-padrão (DPOS) *a posteriori* dos efeitos raciais e heteróticos sobre o peso à desmama de bezerros cruzados Charoles-Zebu e tamanho efetivo das amostras (TEA), de acordo com as pressuposições sobre as variâncias genéticas (VG) e residuais (VR)

	VG homogêneas					
	VR homogêneas			VR heterogêneas		
	MPOS	DPOS	TEA	MPOS	DPOS	TEA
Aditivo						
Direto (γ_1)	38,053	10,070	18	33,904	11,281	16
Materno (γ_2)	2,238	19,600	5	3,156	15,275	5
Heterozigose						
Direta (γ_3)	84,160	15,740	7	104,021	16,447	7
Materna (γ_4)	28,134	2,235	182	27,744	2,247	170
	VG heterogêneas					
	VR homogêneas			VR heterogêneas		
	MPOS	DPOS	TEA	MPOS	DPOS	TEA
Aditivo						
Direto (γ_1)	39,502	9,489	22	37,096	10,036	13
Materno (γ_2)	-4,705	15,114	3	4,486	9,891	12
Heterozigose						
Direta (γ_3)	95,801	12,326	7	101,250	15,732	7
Materna (γ_4)	29,313	2,251	246	28,311	2,297	170

As diferenças entre as médias *a posteriori* dos efeitos raciais e heteróticos, considerando variâncias genéticas e, ou residuais homogêneas e, ou heterogêneas foram pequenas, em geral menores que os desvios-padrão *a posteriori*. Os valores positivos, obtidos para o percentual de alelos de origem da raça Charolesa do animal, estão de acordo com o relatado por Trematore et al. (1998). Segundo esses autores, valores positivos seriam esperados em razão das características dos dois grupos de raças utilizadas nos cruzamentos e indicam efeito positivo dos alelos da raça Charolesa para o aumento do peso à desmama. A Charolesa é uma raça de grande porte e elevado potencial para crescimento, enquanto as raças Zebuínas são menores e apresentam menor potencial para crescimento (Trematore et al., 1998). Por outro lado, a obtenção de valores positivos e negativos para o

percentual de alelos de origem da raça Charolesa da vaca, com elevados desvios-padrão *a posteriori*, sugere que este efeito não é significativo. Este resultado concorda com os relatos de Abdel-Aziz et al. (2003), que encontraram valores não significativos, associados a elevados desvios-padrão, para o percentual de alelos de origem da raça Charolesa da vaca, sobre o peso à desmama de bezerros cruzados das raças Africaner, Charolesa, Simental e Hereford-Red Angus.

As médias *a posteriori* das soluções para os percentuais de heterozigose, diretos e maternos, foram positivas, confirmando os resultados de Trematore et al. (1998) e de Roso & Fries (2000) e indicando a importância de efeitos genéticos não-aditivos (heterozigose) sobre características de crescimento (no caso da heterozigose individual) e sobre a habilidade materna (no caso da heterozigose materna). Os resultados obtidos por Cerdótes et al. (2004) são úteis à explicação do efeito positivo da heterozigose materna sobre o peso à desmama. Esses autores verificaram que a produção de leite das vacas F1 Charolês-Nelore, que apresentam 100% de heterozigose, é maior que a produção dos grupos genéticos parentais. Dessa forma, é possível que quanto maior o nível de heterozigose da vaca, maior a sua produção de leite e melhores seriam as condições para o desenvolvimento do bezerro.

Na Tabela 5.4, são apresentadas as médias e desvios-padrão *a posteriori* para os componentes de variância para o peso à desmama e o TEA, de acordo com as pressuposições quanto às variâncias genéticas e residuais.

Tabela 5.4 - Médias (MPOS) e desvios-padrão (DPOS) *a posteriori* para os componentes de variância (CV) para o peso à desmama e tamanho efetivo das amostras (abaixo das MPOS, entre parênteses), de acordo com as pressuposições sobre as variâncias genéticas (VG) e residuais (VR)

CV ¹	VG homogêneas				VG heterogêneas			
	VR homogêneas		VR heterogêneas		VR homogêneas		VR heterogêneas	
	MPOS	DPOS	MPOS	DPOS	MPOS	DPOS	MPOS	DPOS
σ_a^2	90,97 (179)	8,55	93,98 (170)	9,04				
$\sigma_{a_c}^2$					50,51 (161)	11,61	75,20 (143)	16,09
$\sigma_{a_z}^2$					73,61 (111)	18,52	91,00 (195)	27,90
$\sigma_{Sa_{CZ}}^2$					47,84 (177)	13,76	20,16 (71)	7,54
σ_m^2	29,38 (57)	4,56	33,68 (53)	5,43				
$\sigma_{m_c}^2$					18,10 (60)	7,58	25,25 (148)	6,42
$\sigma_{m_z}^2$					19,40 (38)	4,45	35,43 (179)	9,83
$\sigma_{Sm_{CZ}}^2$					30,12 (398)	9,83	9,20 (58)	3,34
σ_p^2	106,09 (148)	5,44	103,31 (117)	5,73	98,59 (187)	5,59	101,45 (245)	5,20
σ_q^2	37,31 (889)	3,76	40,14 (985)	3,76	38,40 (963)	3,56	40,33 (621)	3,88
σ_e^2	499,82 (355)	6,38			491,32 (250)	7,41		

¹ σ_a^2 : variância genética aditiva direta, para os modelos com homogeneidade de variâncias genéticas; $\sigma_{a_c}^2$, $\sigma_{a_z}^2$ e $\sigma_{Sa_{CZ}}^2$: variâncias genéticas aditivas diretas específicas para as raças Charolesa e Zebuínas e variância de segregação entre as raças Charolesa e Zebuínas, respectivamente, para os modelos com heterogeneidade de variâncias genéticas; σ_m^2 : variância genética aditiva materna, para os modelos com homogeneidade de variâncias genéticas; $\sigma_{m_c}^2$, $\sigma_{m_z}^2$ e $\sigma_{Sm_{CZ}}^2$: variâncias genéticas aditivas maternas específicas para as raças Charolesa e Zebuínas e variância de segregação entre as raças Charolesa e Zebuínas, respectivamente, para os modelos com heterogeneidade de variâncias genéticas; σ_p^2 variância de ambiente materno permanente; σ_q^2 : variância da interação entre grupo genético e grupo de contemporâneos do bezerro; e σ_e^2 : variância residual, para os modelos com homogeneidade de variâncias residuais.

Conforme se observa na Tabela 5.4, sob a pressuposição de variâncias genéticas e residuais heterogêneas, as médias *a posteriori* das variâncias genéticas aditivas diretas e maternas para as raças Charolesa e Zebuína foram diferentes, com superioridade para as variâncias das raças

Zebuínas. Este resultado está de acordo com aqueles reportados por Elzo & Wakeman (1998) e Cardoso et al. (2005), que encontraram menor variabilidade genética aditiva para o peso à desmama e ganho de peso pós-desmama, respectivamente, nas raças Taurinas (Angus e Hereford), em relação às raças Zebuínas (Brahman e Nelore). Estes resultados podem ser explicados por que os animais Taurinos (Charoleses) e Zebuínos foram submetidos a diferentes processos de seleção. Enquanto o primeiro grupo foi selecionado para maior crescimento em ambientes temperados, o segundo foi selecionado para maior adaptação em ambientes tropicais. Além disso, diferentes intensidades de seleção também podem ter provocado alterações na variância genética, em função de alterações nas frequências alélicas, no desequilíbrio gamético e na endogamia, alterando a variabilidade genética nas populações selecionadas (Sorensen & Kennedy, 1984).

A variância atribuída à segregação entre as raças parentais é uma medida de quanto a variância genética aditiva é superior na geração F2, em relação à F1 (Lande, 1981; Lo et al., 1993; Birchmeier et al., 2002), podendo ser atribuída à ocorrência de recombinação para a formação dos gametas dos pais F1. No presente caso, a variância genética aditiva direta atribuída à segregação entre as raças Charolesa e Zebuínas representou 26,8% e 22,2% das variâncias genéticas aditivas diretas das raças Charolesa e Zebuínas, respectivamente. Estes valores são superiores aos valores de 6,3% e 4,1%, reportados por Elzo & Wakeman (1998) para o peso à desmama, em relação às raças Angus e Brahman, respectivamente, assumindo homogeneidade de variância residual. Cardoso et al. (2005), trabalhando com a característica ganho de peso pós-desmama e com variâncias residuais heterogêneas, verificaram que a variância da segregação entre raças representou 26,7% e 7,5% das variâncias genéticas aditivas das raças Hereford e Nelore, respectivamente. Embora, no arquivo de registros utilizado, não houvesse dados das gerações F1 e F2, que são importantes para obtenção da variância atribuída à segregação, o desvio-padrão *a posteriori* obtido para esta estimativa é, proporcionalmente, inferior àqueles obtidos por Birchmeier et al. (2002), para a característica peso ao nascer e por Cardoso et al. (2005) para a característica ganho de peso pós-desmama, que analisaram dados de animais F1, F2, F3 e F4.

A variância genética aditiva materna, atribuída à segregação entre as raças Charolesa e Zebuínas, representou 36,4% e 26,0% das variâncias genéticas aditivas maternas das raças Charolesa e Zebuínas, respectivamente, enquanto as variâncias atribuídas ao efeito de ambiente materno permanente e à interação GG^aGC, também, foram responsáveis por parte significativa da variância fenotípica, confirmando a importância da inclusão desses efeitos em avaliações genéticas do peso à desmama.

Na Figura 5.1, são apresentadas as densidades *a posteriori* das variâncias genéticas aditivas diretas e maternas para os grupos genéticos, presentes na base de dados, de acordo com as pressuposições sobre as variâncias genéticas e residuais.

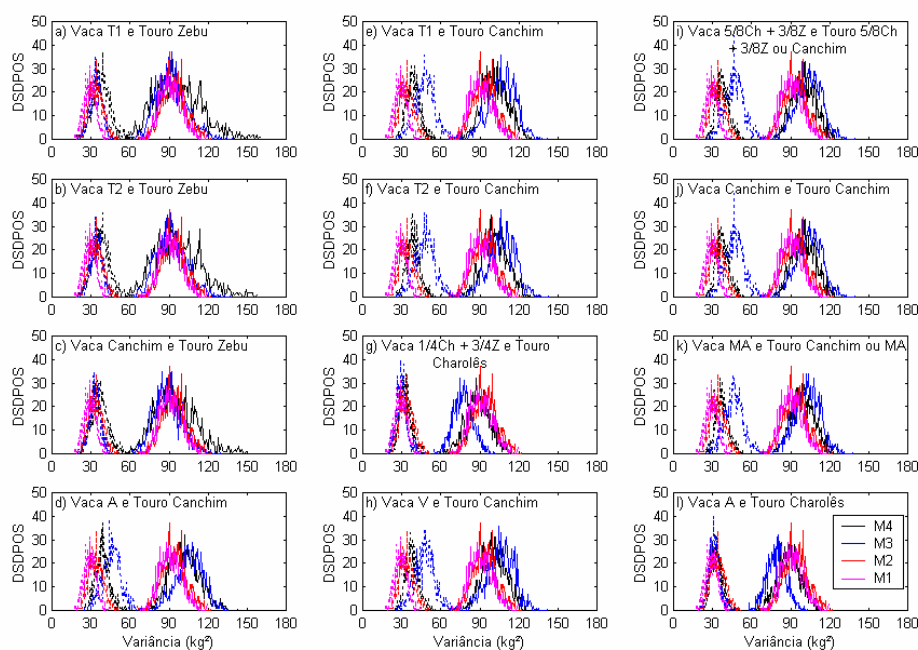


Figura 5.1 - Densidades *a posteriori* (DSDPOS) das variâncias genéticas aditivas diretas (linhas cheias) e maternas (linhas pontilhadas) para os grupos genéticos presentes na base de dados, de acordo com as pressuposições sobre as variâncias genéticas e residuais (M1: variâncias genéticas e residuais homogêneas; M2: variâncias genéticas homogêneas e residuais heterogêneas; M3: variâncias genéticas heterogêneas e residuais homogêneas; e M4: variâncias genéticas e residuais heterogêneas).

Observa-se que as densidades *a posteriori* das variâncias genéticas, obtidas sob diferentes pressuposições (M1, M2, M3 e M4), sobrepõem-se

em grande parte do intervalo. Isto acontece por que os percentuais de alelos de origem da raça Charolesa e de heterozigose dos bezerros variam entre 23% e 66% e entre 46% a 75%, respectivamente. Possivelmente, essas sobreposições seriam menores, se fossem consideradas as variâncias para as raças Charolesa e Zebuínas e para o grupo F1, que não estavam presentes na base de dados deste trabalho.

Na Tabela 5.5, são apresentadas as médias e desvios-padrão *a posteriori* para os parâmetros, que definem a heterogeneidade da variância residual nos modelos M3 e M4 e o TEA.

Tabela 5.5 - Médias (MPOS) e desvios-padrão (DPOS) *a posteriori* para os parâmetros (PAR), que definem a heterogeneidade da variância residual para o peso à desmama e tamanho efetivo das amostras (TEA), de acordo com as pressuposições sobre as variâncias genéticas (VG)

Par ¹ .	VG homogêneas			VG heterogêneas		
	MPOS	DPOS	TEA	MPOS	DPOS	TEA
σ_e^2	749,880	273,377	30	1.056,930	460,882	12
γ_1	0,324	0,138	29	0,430	0,225	20
γ_2	10,977	5,168	13	6,738	4,159	6
γ_3	0,563	0,326	31	0,431	0,373	11
γ_4	0,639	0,055	398	0,632	0,056	378
γ_5	1,192	0,116	4	1,112	0,142	4
γ_6	0,994	0,011	4	1,003	0,013	4
γ_7	1,015	0,027	6	0,996	0,027	7
γ_8	0,936	0,075	36	0,966	0,077	36
γ_9	0,656	0,118	4	0,777	0,154	3
γ_{10}	1,025	0,020	4	1,006	0,0023	4
γ_{11}	0,961	0,046	6	1,001	0,0048	7
γ_{12}	1,161	0,160	38	1,094	0,150	34
γ_{13}	1,259	0,093	3	1,257	0,147	3
γ_{14}	0,986	0,007	4	0,983	0,012	4
γ_{15}	1,001	0,017	29	1,018	0,027	17
γ_{16}	1,043	0,083	56	0,985	0,092	35
γ_{17}	0,459	0,059	4	0,487	0,098	3
γ_{18}	1,068	0,013	4	1,069	0,023	3
γ_{19}	0,941	0,027	32	0,920	0,045	11
γ_{20}	0,977	0,136	26	1,080	0,173	33

¹ σ_e^2 : variância residual de referência; γ_m ($m = 1, \dots, 20$) parâmetros de regressão que podem provocar heterogeneidade de variâncias residuais e estão associados aos coeficientes de regressão para PC individual e materno ($m = 1, 2$), PH individual e materno ($m = 3, 4$), para o efeito da idade da vaca ao parto (linear + quadrático - quadrático - quadrático e para o efeito da interação entre idade da vaca ao parto e PC materno para machos ($m = 5, \dots, 12$) e fêmeas ($m = 13, \dots, 20$)).

As médias *a posteriori* para os efeitos do PC individual e dos PH individual e materno sobre a variabilidade residual foram inferiores a um, indicando que quanto maiores os PC individuais e os PH individuais e maternos, menor será a variabilidade residual. Cardoso et al. (2005) encontraram intervalos de probabilidade, para o efeito da composição genética individual, que incluem o valor um, não obtendo, então, evidência

do efeito da composição genética do bezerro sobre a variabilidade residual. Contudo, esses autores verificaram que quanto maior a heterozigose individual, menor será a variabilidade residual. Este resultado está de acordo com o conceito de homeostase genética (Lerner, 1954, citado por Cardoso et al., 2005), segundo o qual os indivíduos heterozigotos são menos influenciados por fatores ambientais.

A média *a posteriori* para o efeito do PC da vaca indica que os filhos de vacas, com maior percentual de Charolês, são criados em situações de maior variabilidade residual. Considerando que o aumento do PC da vaca provoca aumento em seu tamanho e em sua exigência nutricional, é possível que o desempenho das vacas com maiores PC seja mais vulnerável às alterações ambientais, provocando, assim, maior variabilidade ambiental para os bezerros. Por outro lado, o aumento do PC do bezerro pode não estar associado ao aumento na variância residual, porque a heterozigose materna pode amenizar o efeito do ambiente desfavorável sobre a variabilidade do desempenho individual.

As médias *a posteriori* para os efeitos da idade da vaca ao parto e da idade da vaca ao parto multiplicado pelo percentual de alelos de origem da raça Charolesa da vaca, para machos e fêmeas, estiveram, em geral, próximos de um, sugerindo pequena variabilidade residual em função desses efeitos, quando considerados isoladamente. Contudo, analisando as médias e desvios-padrão *a posteriori* das variâncias residuais para os grupos genéticos presentes na base de dados, em função da idade da vaca ao parto, considerando-se modelos com variâncias genéticas heterogêneas, que são apresentadas na Figura 5.2, observa-se que estes efeitos, em conjunto, modificam as variâncias residuais.

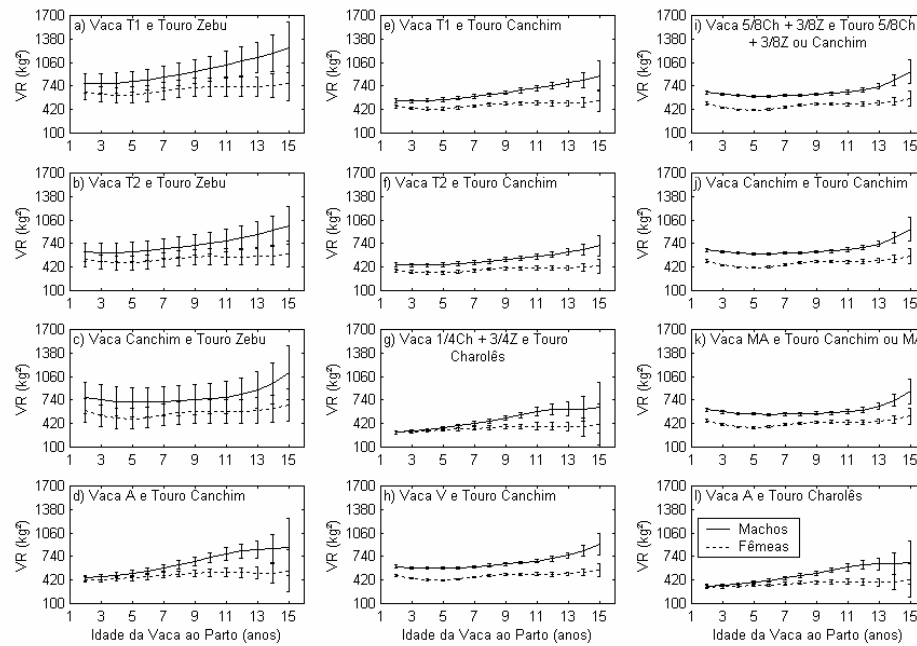


Figura 5.2 - Médias e desvios-padrão *a posteriori* para as variâncias residuais do peso à desmama (VR, kg²) em função da idade da vaca ao parto e sexo do bezerro, para os cruzamentos disponíveis no banco de dados, assumindo-se heterogeneidade de variâncias genéticas (M4).

As médias e desvios-padrão *a posteriori* para as variâncias residuais, assumindo-se homogeneidade de variâncias genéticas, apresentaram tendências semelhantes àsquelas da Figura 5.2 (dados não apresentados).

As maiores médias e desvios-padrão *a posteriori* das variâncias residuais foram observados, em geral, para os grupos genéticos com menor número de registros (T1 x Zebu, T2 x Zebu, Canchim x Zebu e A x Canchim). Para todos os grupos considerados, foram observados aumentos nas médias e desvios-padrão *a posteriori* com o aumento da idade da vaca ao parto. Conforme ressaltado anteriormente, a correlação positiva entre variância residual e idade da vaca ao parto pode ocorrer, em função da seleção e da redução no número de vacas parindo em idades mais avançadas, bem como devido a problemas na modelagem do efeito da idade da vaca ao parto sobre as características em questão. Ao considerar que os dados, corrigidos para os efeitos fixos de ambiente, de animais criados em condições de maior variabilidade residual tenham, em sua composição, proporcionalmente, menor contribuição genética do que a ponderação que

lhes estaria sendo aplicada (Martins, 2002), é possível que os filhos de vacas mais velhas tenham seus dados supervalorizados no processo de avaliação (Carvalho et al., 2002; Martins, 2002), reduzindo a eficiência do processo de avaliação genética.

As variâncias residuais para os machos também foram, na maioria dos casos, superiores às variâncias residuais para as fêmeas. Este resultado está de acordo com aqueles obtidos por Rodriguez-Almeida et al. (1995) e Cardoso et al. (2005). Os machos possuem maior potencial de crescimento que as fêmeas, em função do dimorfismo sexual. Todavia, a magnitude das diferenças entre machos e fêmeas depende das condições ambientais para a expressão destes potenciais genéticos. Em ambientes favoráveis, a expressão do fenótipo fica limitada pelo potencial genético para crescimento que, em geral, é maior nos machos e, portanto, podem causar menor variação residual para machos. Em ambientes restritivos (sob os quais, foi obtida parte dos dados utilizados neste trabalho), a expressão do fenótipo também fica limitada pelo ambiente. Se as condições ambientais são desfavoráveis, como a nutrição, por exemplo, aqueles indivíduos com maiores exigências nutricionais, no caso os machos, ficam mais vulneráveis, apresentando respostas mais variáveis.

Na Figura 5.3, são apresentadas as densidades *a posteriori* das herdabilidades direta e materna, nos modelos com variância genética heterogênea ou homogênea, assumindo-se variâncias residuais homogêneas. Nas figuras 5.4 e 5.5, são apresentadas as médias e desvios-padrão *a posteriori* para as herdabilidades diretas e maternas, respectivamente, em função da idade da vaca ao parto e sexo do bezerro, para os cruzamentos disponíveis no banco de dados, assumindo-se heterogeneidade de variâncias genéticas. Os resultados obtidos com o modelo, em que foi assumida homogeneidade de variâncias genéticas foram, semelhantes àqueles apresentados nas figuras 5.3 e 5.4 (dados não apresentados).

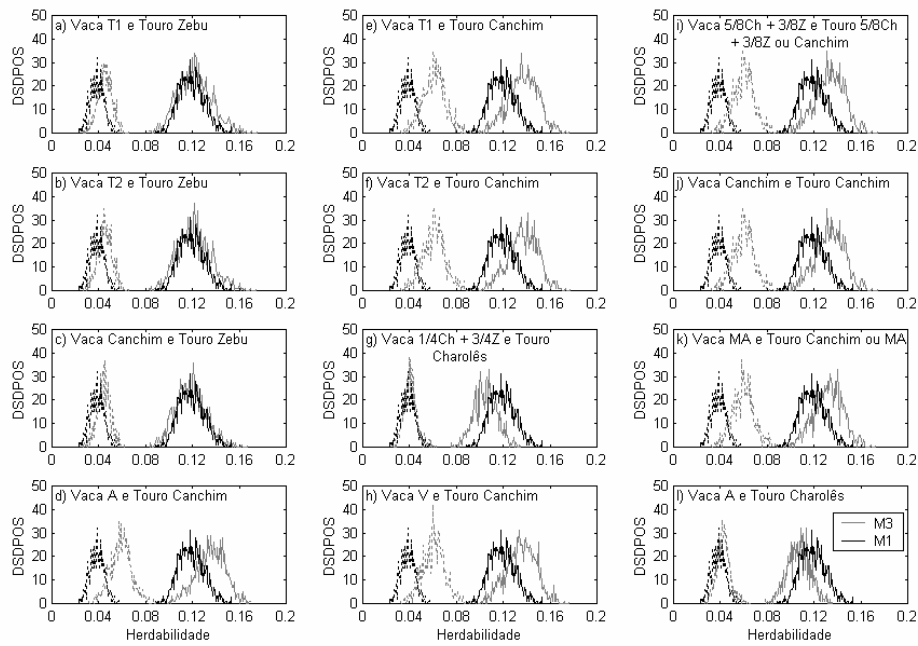


Figura 5.3 - Densidades *a posteriori* (DSDPOS) das herdabilidades direta (linhas cheias) e materna (linhas pontilhadas), de acordo com as pressuposições (M1: variâncias genéticas e residuais homogêneas; M3: variâncias genéticas heterogêneas e residuais homogêneas).

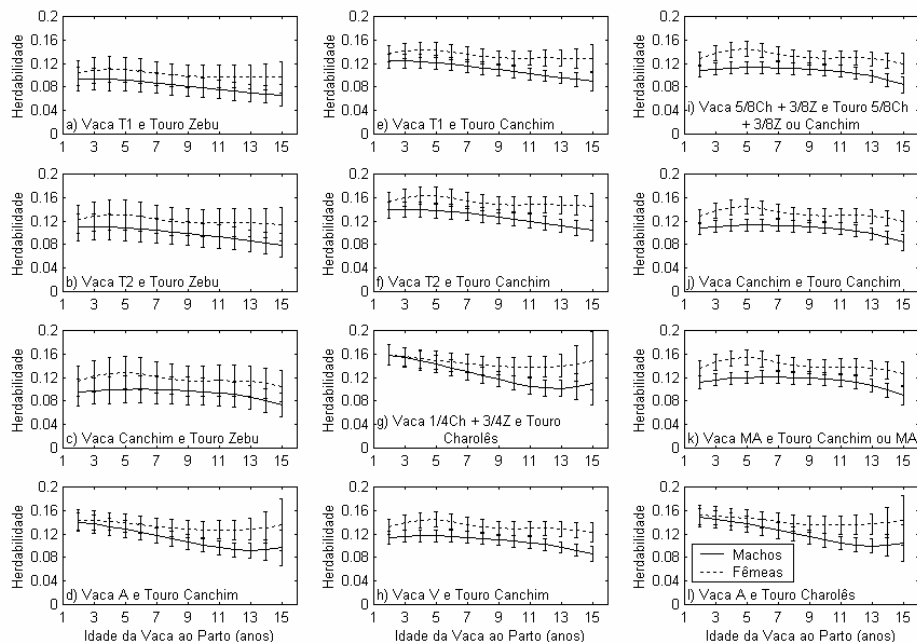


Figura 5.4 - Médias e desvios-padrão *a posteriori* para as herdabilidades diretas para o peso à desmama, em função da idade da vaca ao parto e sexo do bezerro, para os cruzamentos disponíveis no banco de dados, assumindo-se heterogeneidade de variâncias genéticas (M4).

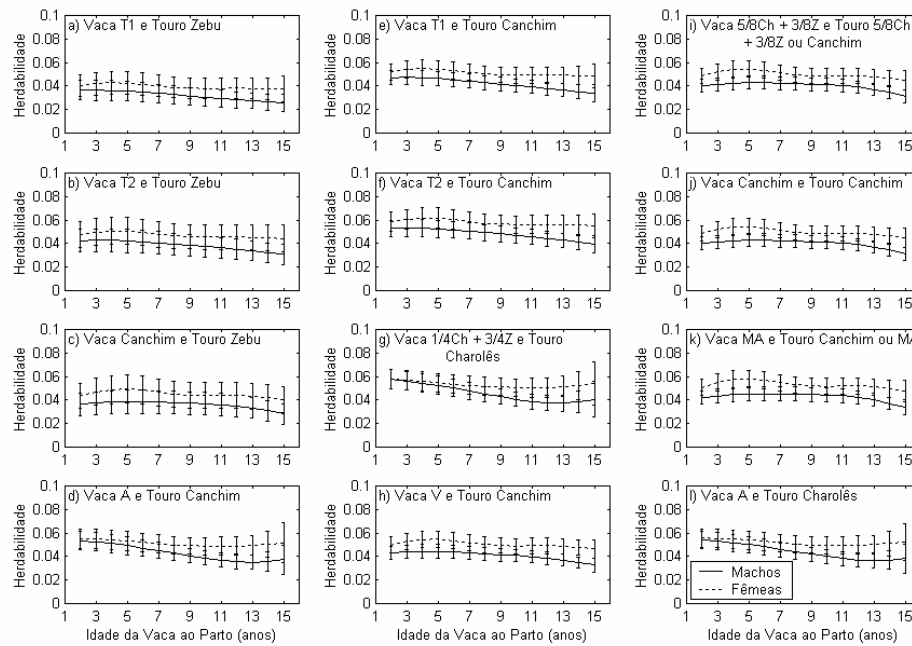


Figura 5.5 - Médias e desvios-padrão *a posteriori* para as herdabilidades maternas para o peso à desmama, em função da idade da vaca ao parto e sexo do bezerro, para os cruzamentos disponíveis no banco de dados, assumindo-se heterogeneidade de variâncias genéticas (M4).

Foram observadas variações significativas entre 0,08 e 0,016 nas médias *a posteriori* da herdabilidade direta, o que já era esperado em função das alterações nas variâncias genética e residual. As herdabilidades diretas para a característica peso à desmama, obtidas neste trabalho, foram inferiores aos valores de 0,48 e 0,35, estimados por Mello et al. (2002) e Toral et al. (2007), respectivamente, que utilizaram apenas os dados de animais da raça Canchim, filhos de vacas Canchim, mas semelhantes à estimativa de 0,17, reportada por Barichello et al. (2007).

As médias *a posteriori* da herdabilidade materna que, neste estudo, variaram entre 0,03 e 0,06, foram intermediárias aos valores de 0,04 e 0,09, reportados para a raça Canchim (Mello et al., 2002; Barichello et al., 2007). É possível que além das diferenças entre as bases de dados, a inclusão dos efeitos de grupos genéticos tenha contribuído para obtenção de valores diferentes para as herdabilidades direta e materna. Os valores, obtidos no presente trabalho, indicam que a seleção pode ser utilizada como ferramenta, para modificar a composição genética dos rebanhos no sentido

de aumentar o peso à desmama. Contudo, a utilização de cruzamento também pode ser utilizada, para alcançar este objetivo porque o peso à desmama é influenciado por efeitos genéticos não-aditivos.

Na Tabela 5.6, são apresentadas as correlações de Kendall entre as MPDEPs_{aj} para os efeitos genéticos aditivos diretos e maternos, obtidos sob as diferentes pressuposições a respeito das variâncias genética e residual, para touros e vacas utilizados na formação de animais Canchim e MA, com filhos avaliados nos últimos cinco anos.

Tabela 5.6 - Correlações de Kendall entre as médias *a posteriori* das diferenças esperadas na progênie (ajustadas) para os efeitos genéticos aditivos diretos (acima da diagonal) e maternos (abaixo da diagonal), obtidos sob as diferentes pressuposições sobre as variâncias genéticas (VG) e residuais (VR), para touros e vacas utilizados na obtenção de animais Canchim e MA, com filhos avaliados nos últimos cinco anos

	VG homogêneas		VG heterogêneas	
	VR homogêneas	VR heterogêneas	VR homogêneas	VR heterogêneas
Touros 5/8 Ch + 3/8 Z (4), Canchim (614) e MA (44)				
M1		0,934	0,938	0,930
M2	0,934		0,915	0,956
M3	0,881	0,872		0,924
M4	0,925	0,934	0,890	
Touros Charoleses (128)				
M1		0,917	0,924	0,918
M2	0,825		0,897	0,952
M3	0,812	0,769		0,915
M4	0,841	0,818	0,797	
Vacas V (537), 5/8 Ch + 3/8 Z (125), Canchim (8.419) e MA (1.999)				
M1		0,923	0,909	0,912
M2	0,918		0,902	0,937
M3	0,851	0,844		0,915
M4	0,903	0,921	0,865	
Vacas A (3.088)				
M1		0,859	0,829	0,851
M2	0,868		0,824	0,870
M3	0,833	0,821		0,821
M4	0,863	0,889	0,824	

Valores inferiores a um foram obtidos para as correlações de classificação entre as MPDEPs_{aj}, para os efeitos genéticos aditivos diretos e maternos dos modelos com diferentes pressuposições a respeito das variâncias genéticas e residuais, sugerindo diferenças quanto aos indivíduos

selecionados como sendo, geneticamente, superiores. As maiores correlações foram obtidas, em geral, entre as MPDEPs_{aj} obtidas com os modelos M2 e M4, enquanto as menores foram obtidas com os modelos M3 e M4

5.4. Conclusões

Modelos com as pressuposições de variâncias genéticas e residuais heterogêneas podem proporcionar melhores ajustes, em relação aos modelos em que as variâncias genéticas e, ou residuais homogêneas foram assumidas.

A variância atribuída à segregação entre raças, as composições raciais e as heterozigoses, individuais e maternas, o sexo e a idade da vaca ao parto, conjuntamente, são fontes de heterogeneidade de variâncias genéticas e residuais.

Observam-se alterações nas variâncias e na herdabilidade da característica peso à desmama, em função de diferenças nas pressuposições sobre variâncias assumidas, que provocam modificações na classificação dos reprodutores.

5.5. Literatura Citada

ABDEL-AZIZ, M.; SCHOEMAN, S.J.; JORDAAN, G.F. Estimation of additive, maternal and non-additive genetic effects of preweaning growth traits in a multiplebreed beef cattle project. **Animal Science Journal**, v.74, n.3, p.169-179, 2003.

ALENCAR, M.M. Perspectivas para o melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41., 2004, Campo Grande. **Anais dos Simpósios...** Campo Grande: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2004. p.358-367.

ARNOLD, J.W.; BERTRAND, J.K.; BENYSHEK, L.L. Animal model for genetic evaluation of multibreed data. **Journal of Animal Science**, v.70, n.11, p.3322-3332, 1992.

BARICHELLO, F.; ALENCAR, M.M.; TORRES JÚNIOR, R.A.A. et al. Estimativas de herdabilidade de peso, perímetro escrotal e escores de

- avaliação visual à desmama, em bovinos da raça Canchim. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 44., 2007, Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal: Sociedade Brasileira de Zootecnia, [2007] (CD-ROM).
- BIRCHMEIER, A.N.; CANTET, R.J.C.; FERNANDO, R.L. Estimation of segregation variance for birth weight in beef cattle. **Livestock Production Science**, v.76, n.1, p.27-35, 2002.
- CARDOSO, F.F. **Manual de utilização do programa Intergen - versão 0.0**. Bagé: Embrapa Pecuária Sul, 2007, 35p.
- CARDOSO, F.F.; TEMPELMAN, R.J. Hierarchical bayes multiple-breed inference with an application to genetic evaluation of a Nelore-Hereford population. **Journal of Animal Science**, v.82, n.6, p.1589-1601, 2004.
- CARDOSO, F.F.; ROSA, G.J.M.; TEMPELMAN, R.J. Multiple-breed genetic inference using heavy-tailed structural models for heterogeneous residual variance. **Journal of Animal Science**, v.83, n.8, p.1766-1779, 2005.
- CARVALHEIRO, R.; FRIES, L.A.; SCHENKEL, F.S. et al. Efeitos da heterogeneidade de variância residual entre grupos de contemporâneos na avaliação genética de bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p.1680-1688, 2002.
- CERDÓTES, L.; RESTLE, J.; ALVES FILHO, D.C. et al. Produção e composição do leite de vacas de quatro grupos genéticos submetidas a dois manejos alimentares no período de lactação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.3, p.610-622, 2004.
- CPPSE. Esquemas de acasalamentos para obtenção do Canchim, <http://www.cppse.embrapa.br/cppse/origem.html> (acesso em 02/02/2006).
- ELZO, M.A.; WAKEMAN, D.L. Covariance components and prediction for additive and nonadditive preweaning growth genetic effects in an Angus-Brahman multibreed herd. **Journal of Animal Science**, v.76, n.5, p.1290-1302, 1998.
- ELZO, M.A.; BORJAS, A.R. Perspectivas da avaliação genética multirracial em bovinos no Brasil. **Ciência Animal Brasileira**, v.5, n.4, p.171-185, 2004.

- LANDE, R. The minimum number of genes contributing to quantitative variations between and within populations. **Genetics**, v.99, n.3, p.541-553, 1981.
- LO, L.L.; FERNANDO, R.L.; GROSSMAN, M. Covariance between relatives in multibreed populations: additive model. **Theoretical and Applied Genetics**, v.87, n.4, p.423-430, 1993.
- MARTINS, E.N. Avaliação genética e heterogeneidade de variância. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 39., 2002, Recife. **Anais...** Recife: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002. p.205-214.
- MELLO, S.P.; ALENCAR, M.M.; SILVA, L.O.C. et al. Estimativas de (co)variâncias e tendências genéticas para pesos em um rebanho Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p.1707-1714, 2002.
- NETER, J.; KUTNER, M.H.; NACHTSHEIN, C.J. et al. **Applied linear statistical models**. 4.ed. Chicago: Irwin, 1996. 1408p.
- NOTTER, D.R.; CUNDIFF, L.V. Across-breed expected progeny differences: use of within-breed expected progeny differences to adjust breed evaluations for sire sampling and genetic trend. **Journal of Animal Science**, v.69, n.12, p.4763-4776, 1991.
- RODRIGUEZ-ALMEIDA, F.A.; VAN VLECK, D.L.; CUNDIFF, L.V. et al. Heterogeneity of variance by sire breed, sex and dam breed in 200- and 365-day weights of beef cattle from a top cross experiment. **Journal of Animal Science**, v.73, n.9, p.2579-2588, 1995.
- ROSO, V.M.; FRIES, L.A. Avaliação das heteroses materna e individual sobre o ganho de peso do nascimento ao desmame em bovinos Angus x Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.3, p.732-737, 2000.
- SAS Institute Inc. **Statistical Analysis System user's guide**. Version 9.1. Cary: SAS Institute, USA, 2003.
- SORENSEN, D.; GIANOLA, D. **Likelihood, bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics**. 1.ed. New York: Springer, 2002. 740p.

- SORENSEN, D.A.; KENNEDY, B.W. Estimation of genetic variances from unselected and selected populations. **Journal of Animal Science**, v.59, n.5, 1984.
- TORAL, F.L.B.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R. Abordagens frequentista e bayesiana para avaliação genética de bovinos da raça Canchim para características de crescimento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.1, p.43-53, 2007.
- TORRES JÚNIOR, R.A.A.; TORAL, F.L.B. Alternative methods for the adjustment of weaning weights of beef cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Book of abstracts...** Belo Horizonte: Permanent International Committee for World Congresses on Genetics Applied to Livestock Production, 2006. p.67.
- TREMATORE, R.L.; ALENCAR, M.M.; BARBOSA, P.F. et al. Estimativas de efeitos aditivos e heteróticos para características de crescimento pré-desmama em bovinos Charolês-Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.27, n.1, p.87-94, 1998.
- VAN VLECK, L.D.; CUNDIFF, L.V. Across-breed EPD tables for the year 2005 adjusted to breed differences for birth year of 2003. In: BEEF IMPROVEMENT FEDERATION RESEARCH ANNUAL MEETING, 37., 2005, Billings. **Proceedings...** Billings: Beef Improvement Federation, 2005. p.126-142.

6. Implicações

O efeito da idade da vaca ao parto (IVP) sobre o peso à desmama (P225) dos bezerros precisa ser, corretamente, modelado para que os efeitos genéticos, especialmente os genéticos aditivos direto e materno, possam ser precisamente quantificados. Os polinômios ordinários quadráticos, comumente utilizados para modelar o efeito da IVP sobre P225 em bovinos de corte, não se ajustam bem aos dados de bezerros filhos das vacas mais velhas. Com isso, os touros acasalados com essas vacas podem ter seus valores genéticos sub ou supervalorizados, em função de problemas de ajuste para os efeitos ambientais. Os polinômios segmentados com efeitos linear + quadrático - quadrático - quadrático, com nós aos 6,33 anos e 10,66 anos de idade, são robustos para modelar o efeito da IVP sobre o P225 de bezerros cruzados Charolês-Zebu, podendo ser, facilmente, implementados nas avaliações genéticas. Entretanto, ferramentas para modelar o aumento da variância residual, verificado nos dados de bezerros filhos das vacas mais velhas, ainda precisam ser consideradas. Modelar o efeito da IVP das vacas cruzadas como desvio, em relação aos efeitos da IVP de vacas puras, parece ser uma alternativa interessante e de fácil implementação em avaliações genéticas de características pré-desmama. Com esta abordagem, é possível reduzir o número de parâmetros do modelo e obter melhor estimativa dos efeitos da IVP das vacas de grupos genéticos para os quais há pouca disponibilidade de dados.

A desconsideração do efeito da interação entre o grupo genético e o grupo de contemporâneos sobre o P225 pode provocar alterações na partição dos componentes de variância e no ordenamento dos reprodutores. A modelagem dos efeitos raciais e heteróticos, individuais e maternos, por meio de regressão múltipla, possibilita obter soluções dos grupos genéticos com número reduzido de observações coerentes com os valores esperados, reduz o número de parâmetros a ser estimado e possibilita que os efeitos raciais sejam estimados e incorporados às diferenças esperadas na progênie (DEPs) de reprodutores, de modo que reprodutores de grupos

genéticos diferentes possam ser comparados, sob a pressuposição de homogeneidade de variâncias entre grupos raciais.

As pressuposições de homogeneidade de variâncias genéticas entre grupos, geralmente assumidas em avaliações genéticas intra-raciais, não podem ser tomadas como verdadeiras para populações multirraciais. Efeitos fixos como IVP, percentuais de alelos de origem da raça Charolesa e heterozigoses, individuais e maternos, e sexo podem ser fontes de variância residual heterogêneas em populações multirraciais, o que pode, também, ser verdadeiro para populações de animais puros. Modelos Hierárquicos Bayesianos e métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov, livres das pressuposições de homogeneidade de variâncias genéticas e residuais, podem ser implementados para a realização de inferências sobre as distribuições *a posteriori* dos parâmetros genéticos e fenotípicos de interesse. Estes modelos podem ser adaptados para avaliações genéticas de animais, com dados de campo, podendo contribuir para melhor identificação do potencial genético dos reprodutores participantes de populações cruzadas.