



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ  
CAMPUS UNIVERSITÁRIO PROFESSORA CINOBELINA ELVAS  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA**

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA  
PRODUÇÃO DE CARNE EM BOVINOS DA RAÇA TABAPUÃ POR  
MODELOS DE DIMENSÃO FINITA E INFINITA**

**Rogério Paes Ribeiro de Sousa**

BOM JESUS – PI

2015

ROGÉRIO PAES RIBEIRO DE SOUSA

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA  
PRODUÇÃO DE CARNE EM BOVINOS DA RAÇA TABAPUÃ POR  
MODELOS DE DIMENSÃO FINITA E INFINITA**

**Orientadora:** Dra. Luanna Chácara Pires

**Co-orientador:** Dr. Severino Cavalcante de Sousa Júnior

Dissertação apresentada ao *Campus* Prof<sup>a</sup>. “Cinobelina Elvas” da Universidade Federal do Piauí, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, na área de Melhoramento Genético Animal (linha de pesquisa Melhoramento e Reprodução Animal), para obtenção do título de Mestre.

BOM JESUS – PI

2015

FICHA CATALOGRÁFICA  
Universidade Federal do Piauí  
Biblioteca Setorial de Bom Jesus  
Serviço de Processamento Técnico

S725e Sousa, Rogério Paes Ribeiro de.

Estimativas de parâmetros genéticos para produção de carne em bovinos da raça Tabapuã por modelos de dimensão finita e infinita. / Rogério Paes Ribeiro de Sousa. – 2015.  
86 f.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Piauí, Campus Professora Cinobelina Elvas, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Bom Jesus-Pi, 2015.

Orientação: “Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Luanna Chácara Pires”.

1. Bovinos de corte. 2. Bovinos de corte – Parâmetros genéticos. 3. Eficiência produtiva. 4. Raça Tabapuã. I. Título.

CDD 636.214|

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ  
CAMPUS "PROF. CINOBELINA ELVAS"  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

Título: Estimativas de parâmetros genéticos para produção de carne em bovinos da raça Tabapuá por modelos de dimensão finita e infinita.

Autor: Rogério Paes Ribeiro de Sousa

Orientadora: Dra. Luanna Cláudia Pires

Co-orientador: Dr. Severino Cavalcante de Sousa Júnior

Banca Examinadora

  
\_\_\_\_\_  
Profa. Dra. Luanna Cláudia Pires  
CPE/UFSB

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Dr. Severino Cavalcante de Sousa Júnior  
CMRV/UFPI

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Dr. Acirtonildo Atta Faria  
CPCE/UFPI

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Dr. Sinevaldo Gonçalves de Moura  
CPCE/UFPI

Dedico este trabalho as pessoas mais importantes de minha vida, minha família, que se faz presente em todos os momentos e representam motivo de muito orgulho para mim. Em especial aos meus pais, minha base e porto seguro, meus grandes incentivadores que sempre estiveram ao meu lado me dando força, apoio e me guiando nas horas mais complicadas.

## AGRADECIMENTOS

Em primeiro lugar, agradeço a Deus, pela vida, e por ter permitido chegar a mais este momento sempre envolto de suas bênçãos. Agradeço também pela força que tem me dado para superar os obstáculos do meu caminho e pelas oportunidades concedidas.

Aos meus pais Eládia Paes Ribeiro de Souza e José Elias de Souza pelo incentivo, apoio, carinho, dedicação, paciência, compreensão e orações. Em especial ao meu pai que sei que está olhando por mim e intercedendo junto a Deus para que meu caminho seja sempre abençoado.

Aos meus irmãos Josélia e Bartolomeu, por todo apoio que recebo de vocês, pelos conselhos, orações e principalmente por todo o incentivo, me mostrando que somente através do estudo é que se pode crescer na vida dignamente.

A minha orientadora professora Luanna Chacara Pires. Muito obrigado pelos ensinamentos, orientação, confiança, apoio, amizade e pelas valiosas sugestões na elaboração deste trabalho.

Ao meu co-orientador professor Severino Cavalcante de Sousa Júnior pela ajuda e pelos ensinamentos.

A Associação Brasileira de Criadores de Zebu – ABCZ pela concessão das informações utilizadas neste trabalho.

A Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado do Piauí (FAPEPI) pelo apoio financeiro.

Ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Federal do Piauí.

Aos colegas e amigos da Pós-Graduação, Adriana Nascimento, Aline Pavilov, Ana Alice, Antonio Neto, Apoxena Marafon, Carlos Syllas, Enoque Leão, Janilda Barros, Luciano Silva, Natylane, Raimundo Ribeiro, Renan Araújo e Wagner Fontes por toda amizade, partilha de conhecimentos e pelos grandes momentos vividos.

A Bueno Abreu por toda amizade, apoio, força e ajuda na realização deste trabalho.

"Continuo amando e acreditando em Deus, mesmo quando os “milagres” que imploro não acontecem, pois os milagres que imploro e os pedidos que faço, se baseiam em minha vontade e Deus não está aqui para me dar o que eu desejo. Deus está aqui é para me dar o que eu preciso”.

**Padre Fábio de Melo**

## **BIOGRAFIA DO AUTOR**

Rogério Paes Ribeiro de Sousa, filho de José Elias de Sousa e Eládia Paes Ribeiro de Souza, nasceu em São Raimundo Nonato, Piauí, em 23 de abril de 1989.

Iniciou em agosto de 2007 o curso de Medicina Veterinária na Universidade Federal do Vale do São Francisco – UNIVASF, e em agosto de 2012 obteve o título de Médico Veterinário. Em 2013 ingressou no mestrado no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Federal do Piauí – UFPI na área de Melhoramento e Reprodução Animal.



## SUMÁRIO

<b>LISTA DE TABELAS.....</b>	<b>9</b>
<b>LISTA DE FIGURAS.....</b>	<b>10</b>
<b>LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS.....</b>	<b>11</b>
<b>RESUMO GERAL.....</b>	<b>12</b>
<b>ABSTRACT .....</b>	<b>14</b>
<b>INTRODUÇÃO GERAL.....</b>	<b>16</b>
<b>CAPÍTULO I. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....</b>	<b>18</b>
<b>1. Referencial teórico.....</b>	<b>19</b>
1.1.1. Bovinocultura de corte e melhoramento genético.....	19
1.1.2. A raça Tabapuã.....	22
1.1.3. Desempenho produtivo de bovinos.....	24
1.1.4. Modelos de Uni e Multicaracterísticas.....	26
1.1.5. Modelos de Regressão Aleatória.....	28
1.1.6. Parâmetros Genéticos.....	32
<b>2. Referências Bibliográficas.....</b>	<b>36</b>
<b>CAPÍTULO II. Estimativas de parâmetros genéticos para produção de carne em bovinos da raça Tabapuã por modelo de regressão aleatória</b>	<b>42</b>
RESUMO.....	43
ABSTRACT.....	
INTRODUÇÃO.....	45
MATERIAL E MÉTODOS.....	47
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	52
CONCLUSÃO.....	63
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	64
<b>CAPÍTULO III. Estimativas de parâmetros genéticos para produção de carne em bovinos da raça Tabapuã por modelos de dimensão finita</b>	<b>66</b>
RESUMO.....	67
ABSTRACT.....	68
INTRODUÇÃO.....	69
MATERIAL E MÉTODOS.....	71
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	74
CONCLUSÃO.....	82
CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	83
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	84

## LISTA DE TABELAS

### CAPÍTULO II

	<b>Pag.</b>
<b>Tabela 1</b> – Estrutura do arquivo de dados	48
<b>Tabela 2</b> – Estatística descritiva para pesos aos 120, 240, 365, 540 e 670 dias em análises uni e bivariadas	58
<b>Tabela 3</b> – Ordem das funções de covariância	58
<b>Tabela 4</b> – Estimativa de componentes de covariância e parâmetros genéticos e fenotípicos para as características estudadas a partir de análises univariadas	63
<b>Tabela 5</b> – Covariâncias, correlações e herdabilidades para as características estudadas a partir de análises bivariadas	65

## LISTA DE FIGURAS

### CAPÍTULO II

	<b>Pag.</b>
<b>Figura 1</b> – Distribuição do número de registros em média de pesos em kgs de acordo com as idades em dias de animais da raça Tabapuã	55
<b>Figura 2</b> – Desvio-padrão e coeficiente de variação de acordo com as idades em dias dos animais da raça Tabapuã	57
<b>Figura 3</b> – Estimativa dos componentes de variância genética aditiva direta entre as idades nos dados de características de crescimento de animais da raça Tabapuã	59
<b>Figura 4</b> – Estimativa dos componentes de variância de ambiente permanente de animal entre as idades de animais da raça Tabapuã	60
<b>Figura 5</b> – Estimativa dos componentes de variância fenotípica entre as idades de animais da raça Tabapuã	60
<b>Figura 6</b> – Estimativa dos componentes de variância genética materna entre as idades nos dados de características de crescimento de animais da raça Tabapuã	61
<b>Figura 7</b> – Estimativa dos componentes de variância de ambiente permanente materno entre as idades de animais da raça Tabapuã	61
<b>Figura 8</b> – Estimativa de herdabilidade direta de pesos as diversas idades de animais da raça Tabapuã	66
<b>Figura 9</b> – Estimativa de herdabilidade direta de pesos as diversas idades de animais da raça Tabapuã em análise unicaracterística	67
<b>Figura 10</b> – Estimativa de herdabilidade direta de pesos as diversas idades de animais da raça Tabapuã em análise bicaracterística	67
<b>Figura 11</b> – Estimativa de herdabilidade materna de pesos as diversas idades de animais da raça Tabapuã	68
<b>Figura 12</b> – Estimativa de herdabilidade materna de pesos as diversas idades de animais da raça Tabapuã em análise unicaracterística	69
<b>Figura 13</b> – Estimativa de herdabilidade materna de pesos as diversas idades de animais da raça Tabapuã em análise bicaracterística	70

## LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ABCZ – Associação Brasileira de Criadores de Zebu

AIC – Critério de Informação de Akaike

BIC – Critério de Informação Bayesiano

Cv – Coeficiente de variação

DEP – Diferença Esperada na Progenie

GC – Grupo de contemporâneo

GMD – Ganho Médio Diário

$h^2$  – herdabilidade

MRA – Modelos de Regressão Aleatória

P120 – Peso aos 120 dias de idade

P240 – Peso aos 240 dias de idade

P365 – Peso aos 365 dias de idade

P540 – Peso aos 540 dias de idade

P670 – Peso aos 670 dias de idade

PIB – Produto Interno Bruto

## RESUMO GERAL

SOUSA, R. P. R. Estimativas de parâmetros genéticos para produção de carne em bovinos da raça Tabapuã por modelos de dimensão finita e infinita. 2015. 86f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal do Piauí, Bom Jesus, 2015.

**RESUMO:** Na pecuária de corte a raça Tabapuã se destaca por apresentar dentre outras vantagens precocidade e rápido ganho em peso, o que torna esta raça bastante procurada pelos pecuaristas. Características ponderais em bovinos de corte como peso medido em diversas idades tem sido objeto de estudo de melhoristas e têm sido analisadas sob diferentes aspectos metodológicos. As abordagens usuais têm utilizado os modelos de dimensão finita, em análises uni ou multicaracterísticas, e mais recentemente os modelos de regressão aleatória tem sido propostos como alternativa na avaliação genética de dados longitudinais. Os modelos de regressão aleatória podem ser chamados também de modelos de dimensão infinita, uma vez que existem medidas infinitas por indivíduo e tais medidas são mais correlacionadas, quanto mais próximas entre si. Desta forma o conhecimento dos parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais de características de valor econômico é de fundamental importância para o delineamento de programas de seleção em bovinos de corte, pois permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção. O objetivo do trabalho foi estimar os componentes de variância, covariância e parâmetros genéticos para produção de carne de bovinos da raça Tabapuã por meio de análises uni e bicaracterísticas e por modelos de regressão aleatória sobre polinômios de Legendre. Os dados são provenientes da Associação Brasileira de Criadores de Zebu - ABCZ pertencentes a animais da raça Tabapuã criados no Estado da Bahia. Foram utilizados 28.643 registros de pesos do nascimento até os 660 dias de idade pertencentes a 6.471 animais nas análises com modelo de regressão aleatória. Nas análises uni e bi-característica utilizou-se 23.987 registros de pesos padronizados aos 120, 240, 365, 540 e 670 dias de idade. Os parâmetros genéticos nas análises uni e bicaracterística foram obtidos pelo método da máxima verossimilhança restrita, utilizando-se o software MTDFREML, considerando como efeitos fixos grupo de contemporâneos, a idade da vaca ao parto como covariável (efeito linear e quadrático) e efeito linear da idade do animal à pesagem e os efeitos aleatórios genéticos aditivos (direto e materno), efeito de ambiente permanente materno e a covariável idade da vaca ao parto (efeitos linear e quadrático). Nas análises de regressão aleatória utilizou-se o algoritmo de busca AIREML através do método da máxima verossimilhança restrita pelo programa computacional DFREML, considerando como funções base polinômios de Legendre, com estas análises observou-se que as médias dos pesos aumentaram linearmente desde o nascimento até os 660 dias de idade variando de 70 quilos aos 120 dias a 650 quilos aos 660 dias. As estimativas de variância genética aditiva direta obtidas aumentaram com a idade de  $44\text{kg}^2$  a  $52\text{kg}^2$  aos 79 dias de idade e  $207\text{kg}^2$  a  $264\text{kg}^2$  aos 550 dias de idade. As estimativas de herdabilidade para o efeito aditivo direto mostram o decréscimo da herdabilidade do nascimento até a desmama (0,48) até (0,27),

enquanto que as estimativas de herdabilidade materna apresentaram aumento do nascimento (0,38) até a desmama (0,50) decrescendo nas idades seguintes até (0,17) aos 660 dias de idade. Nas análises uni e bi-características as médias e desvios-padrão foram de  $120,02 \pm 27,30$ ;  $192,95 \pm 37,41$ ;  $231,55 \pm 47,52$ ;  $312,37 \pm 62,46$  e  $347,52 \pm 66,54$  respectivamente para peso aos 120, 240, 365, 540 e 670 dias de idade. Para as análises com modelos uni-características as estimativas de herdabilidade direta foram 0,22; 0,27; 0,22; 0,47 e 0,40 respectivamente para pesos aos 120, 240, 365, 540 e 670 dias de idade, apontando um aumento após a desmama. Para as análises bi-características as estimativas de herdabilidade direta foram de 0,38; 0,77; 0,85; 0,82 e 0,67 respectivamente para pesos aos 120, 240, 365, 540 e 670 dias de idade, observa-se aumento no decorrer do crescimento do animal e um decréscimo a partir dos 540 dias de idade. As estimativas de herdabilidade direta obtidas nas análises uni e bi-características foram superiores em relação aquelas obtidas nas análises com modelo de regressão aleatória. As estimativas de herdabilidade materna tanto no modelo de regressão aleatória como nas análises uni e bi-característica mostraram que o efeito materno influencia no crescimento dos animais da raça Tabapuã do nascimento até os 660 dias de idade. As correlações genéticas direta para análises com modelo de regressão aleatória e análises uni e bicaracterística variaram de moderadas a altas, diminuindo conforme o aumento da distancia entre as idades. A seleção com base em características de crescimento em qualquer idade pode promover ganhos genéticos consideráveis no peso corporal de animais da raça Tabapuã criados no Estado da Bahia, em todas as idades-padrão. O modelo de regressão aleatória em comparação as análises uni e bi-características mostrou-se mais adequado para descrever as mudanças nas variâncias dos pesos de bovinos da raça Tabapuã no Estado da Bahia.

**Palavras – chave:** bovinos de corte, eficiência produtiva, herdabilidade, modelo animal, polinômios de Legendre, seleção

## ABSTRACT GENERAL

SOUSA, R. P. R. Estimates of genetic parameters for meat production in cattle by Tabapuã dimensional models finite and infinite. 86f. Dissertation (Master of Animal Science) – Federal University of Piauí, Bom Jesus, 2015.

**ABSTRACT:** In beef cattle to Tabapuã stands out for presenting among other advantages precocity and rapid weight gain, which makes this race very popular among ranchers. Weight traits in beef cattle and weight measured at different ages have been breeders of subject matter and have been analyzed from different methodological aspects. The usual approaches have used finite-dimensional models in uni or multivariate analysis, and more recently random regression models have been proposed as an alternative to genetic evaluation of longitudinal data. The random regression models can also be called infinite dimensional models, since there are endless for individual measures and such measures are more correlated, the more close together. Thus the knowledge of genetic parameters, phenotypic and environmental economic value characteristics is of fundamental importance for the design of screening programs in beef cattle because it allows to foresee the possibility of successful selection. The objective was to estimate the components of variance, covariance and genetic parameters for production Tabapuã cattle meat through univariate and two-trait and random regression models on Legendre polynomials. Data are from the Brazilian Association of Zebu Breeders - ABCZ belonging to Tabapuã of animals raised in the state of Bahia. 28,643 records of birth weights were used until 660 days of age belonging to 6,471 animals in tests with random regression model. In univariate and bi-characteristic used to 23,987 records of the standardized weights 120, 240, 365, 540 and 670 days of age. Genetic parameters in one- and two-trait analyzes were obtained by the method of restricted maximum likelihood using the MTDFREML software considering as fixed effects contemporary group, the cow age at calving as a covariate (linear and quadratic effect) and linear effect age of the animal weighing and random genetic additive effects (direct and maternal), maternal permanent environmental effect and the covariate age of cow at calving (linear and quadratic effects). In random regression analyzes used the AIREML search algorithm by the method of restricted maximum likelihood using the software DFReml software, considering how polynomial basis functions of Legendre, with these analyzes it was observed that the average weight increased linearly from birth to 660 days of age ranging from 70 kilograms to 120 days from 650 kilograms to 660 days. Estimates of direct additive variance obtained increased with age to 52 44kg<sup>2</sup> kg<sup>2</sup> to 79 days of age and 207 to 264 kg<sup>2</sup> kg<sup>2</sup> at 550 days of age. Heritability estimates for direct additive effect show a decrease in heritability birth until weaning (0.48) to (0.27), while the estimates of maternal heritability showed increased birth (0.38) until weaning (0.50) decreased until the following ages (0.17) at 660 days of age. In univariate and bi-characteristics of means and standard deviations were 120.02 ± 27.30; 192.95 ± 37.41; 231.55 ± 47.52; 312.37 ± 62.46 and 347.52 ± 66.54 respectively for weight 120, 240, 365, 540 and 670 days of

age. For the analyzes with single-trait models estimates of direct heritability were 0.22; 0.27; 0.22; 0.47 and 0.40 respectively for the weights 120, 240, 365, 540 and 670 days of age, indicating an increase after weaning. For bi-characteristics analysis estimates of direct heritability were 0.38; 0.77; 0.85; 0.82 and 0.67 respectively for the weights 120, 240, 365, 540 and 670 days of age, is observed during the increase animal growth and a decrease from 540 days old. Estimates of direct heritability obtained in the univariate and bi-characteristics were higher than those obtained in the analysis with random regression model. Estimates of maternal heritability both random regression model as in univariate and bi-feature showed that maternal effects influence the growth of animals Birth Tabapuã up to 660 days old. The direct genetic correlations for analysis with random regression model and one- and two-trait analyzes ranged from moderate to high, decreasing with increasing distance between ages. The growth characteristics-based selection at any age can promote considerable genetic gain in body weight of animals Tabapuã raised in the State of Bahia in all standard-ages. The random regression model compared the univariate and bi-characteristics was more appropriate to describe the changes in the variances of Tabapuã cattle weights in the state of Bahia.

**Key-words:** beef cattle, production efficiency, heritability, animal model, Legendre polynomials, selection



## INTRODUÇÃO GERAL

O setor pecuário brasileiro consolida cada vez mais a sua importância por possuir o maior rebanho comercial de bovinos de corte do mundo. Esse cenário coloca a atividade como destaque do agronegócio no país, que possui como criações favoráveis a criação o clima e a grande oferta de alimento (BOLIGON et al., 2008a).

As várias transformações ocorridas, advindas principalmente do processo de globalização, têm provocado mudanças em todos os setores da economia indistintamente, sendo que na bovinocultura de corte verificam-se mudanças de comportamento em todos os segmentos da cadeia produtiva. Somente nos últimos 60 anos a produção animal mudou substancialmente devido à moderna tecnologia empregada, bem como a introdução de raças especializadas na produção de carne e incentivos financeiros (CHAUDHRY, 2008).

O crescimento da população brasileira acarreta demanda crescente de proteína animal e com isso, existe a necessidade de melhorar efetivamente a produtividade do rebanho nacional, principalmente no que diz respeito ao desempenho produtivo (SOUSA et al., 2012). Na pecuária de corte, é fundamental selecionar animais visando melhorias no desempenho produtivo, pois esses animais determinam a eficiência total de produção, tanto do ponto de vista genético como econômico.

O mercado econômico apresenta grande competição, com isso, deve-se buscar a máxima produtividade para se otimizar a lucratividade. A grande demanda pelos produtos de origem animal, principalmente carne, leva aos produtores buscarem formas de aumentar a produção tanto em quantidade como em qualidade, com o objetivo de atender as exigências do mercado, principalmente o internacional. Somente no primeiro semestre de 2015 foram abatidos 7,732 milhões de bovinos, sendo que as exportações de carne bovina chegaram a 1,4 milhões de toneladas em 2014 e em 2015 já houve um aumento de 11% nas exportações (IBGE, 2015).

Programas de melhoramento genético têm dado destaque a características produtivas e reprodutivas, pois fertilidade e precocidade sexual são componentes importantes no aumento da produtividade. Dessa forma, deve-se buscar o equilíbrio entre os fatores que determinam a fertilidade, onde essa, aliada à precocidade, eleva a taxa de nascimentos no rebanho, possibilitando maior produção de carne por ano, auxiliando no processo de produção, resultando em maior rentabilidade (BOLIGON et al., 2008a).

Estratégias de seleção em bovinos de corte, com base em características ponderais são desejáveis, tanto do ponto de vista genético como do econômico. As valorizações do crescimento e do acabamento constituem o foco principal da atuação de melhoristas de bovinos de corte, empenhados na busca de novas vias genéticas de seleção, capazes de dar competitividade às raças zebuínas em relação às taurinas (PEREIRA et al., 2005).

Em produção animal, é comum o uso de modelos para a descrição matemática de fenômenos biológicos como o crescimento. Assim variáveis quantitativas são tomadas para representar fatores que influenciam o fenômeno (THOLON e QUEIROZ, 2009).

Características ponderais como peso obtido durante a vida do animal podem ser avaliados através de modelos de regressão aleatória. Esses modelos permitem descrever de forma contínua, a estrutura de covariâncias ao longo do tempo e permitir a utilização de todas as medidas de pesos disponíveis. No Brasil vários trabalhos utilizando modelos de regressão aleatória incluem medidas de peso de animais do nascimento até, aproximadamente, 700 dias de idade (ALBUQUERQUE E FARO, 2008).

Medidas repetidas de um mesmo indivíduo tem sido analisadas sob diferentes aspectos metodológicos. As abordagens usuais tem utilizado os modelos de repetibilidade e os modelos de dimensão finita ou ‘test-day models’, em análises uni ou multicaracterísticas. Mais recentemente, os Modelos de Regressão Aleatória que podem ser chamados de modelos de dimensão infinita tem sido propostos como alternativas na avaliação genética de dados longitudinais (FARO e ALBUQUERQUE, 2003). Com o uso destes modelos é possível obter parâmetros genéticos em qualquer idade eliminado pré-ajustes nos dados por trabalhar com todas as pesagens disponíveis, com covariâncias adequadas (SOUSA JÚNIOR et al., 2010).

Desta forma o objetivo foi estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para pesos do nascimento aos 660 dias de idade de bovinos da raça Tabapuã do Estado da Bahia por meio de modelos de uni e bi-característica e de regressão aleatória.

A dissertação foi estruturada conforme as normas para elaboração de dissertações do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da UFPI da seguinte forma: INTRODUÇÃO; CAPÍTULO 1 – Revisão Bibliográfica, elaborada de acordo com as normas da ABNT; CAPÍTULO 2 – artigo científico intitulado: “Estimativas de parâmetros genéticos para produção de carne em bovinos da raça Tabapuã por modelos de dimensão finita e infinita” e CONSIDERAÇÕES FINAIS.

## **CAPÍTULO I. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA**

## 1. REFERENCIAL TEÓRICO

O Brasil constantemente passa por uma série de mudanças no setor agropecuário, com vista à consolidação e fortalecimento da economia brasileira. Neste cenário houve uma expansão do setor produtivo com destaque para a pecuária, essa expansão ocorreu em virtude do crescimento da população e ao mesmo tempo do crescente consumo dos produtos de origem animal, principalmente a carne bovina que tem seu consumo diretamente relacionado com o aumento da renda do consumidor (BOLIGON et al., 2013).

A produção de carnes é uma das atividades agropecuárias mais importantes para a economia brasileira, representando em torno de 18% do agronegócio brasileiro (IBGE, 2014). A pecuária de corte no Brasil pode ser caracterizada pelo uso de grandes áreas de pastos naturais e de pastagens cultivadas e também por sua diversidade no que tange as raças, os sistemas de criação, às condições sanitárias de abate e às formas de comercialização e pela sua desorganização devido à baixa estabilidade nas relações entre os criadores e frigoríficos (OLIVEIRA NETO et al., 2009).

Diferentemente de outros setores da agricultura a pecuária tem seu crescimento mais rápido, devido a grande demanda por seus produtos, portanto, transformações no sistema de produção da carne bovina ocorrem com o intuito de elevar a eficiência econômica reprodutiva e produtiva deste setor pecuário (SIQUEIRA et al., 2013).

O processo de modernização da pecuária vem ocorrendo de forma gradual, por isso algumas medidas foram tomadas com o objetivo de expandir as exportações e atender a demanda interna, como: a utilização do melhoramento genético animal, como ferramenta para aumentar a produção e rentabilidade da pecuária pelo uso de animais mais eficientes, adaptados ao ambiente e com melhor qualidade do produto, o que tem contribuído para a ampliação do papel da pecuária de corte voltada para a geração de alimentos saudáveis e seguros, com vistas à diminuição do impacto ambiental, tendo sempre em consideração o bem-estar animal envolvido na produção, o que resulta no crescimento da pecuária nacional (MUCARI et al., 2011).

### 1.1.1. Bovinocultura de Corte e Melhoramento Genético

De acordo com a origem e distribuição geográfica os bovinos podem ser divididos em dois grupos que são o taurino e o zebuino. Os zebuínos têm sua origem na Índia e

foram introduzidos no Brasil nos séculos XVIII e XIX pelos portugueses para subsidiar a atividade exportadora de açúcar, uma vez que o boi cumpria as funções de movimentação dos moinhos de cana e de transporte da produção. Posteriormente iniciaram-se as importações de reprodutores zebuínos para o Brasil, com o objetivo de melhoria do rebanho atual e formação de novas raças (EUCLIDES FILHO, 2009).

O gado bovino está presente no Brasil desde os primeiros anos após a chegada dos portugueses. A partir daí esta atividade foi se distribuindo geograficamente por todas as regiões do Brasil, onde a região Centro-Oeste atua como a maior detentora do rebanho bovino comercial do país, seguida pelas regiões Norte, Sudeste, Nordeste e Sul (IBGE, 2014).

O efetivo bovino brasileiro é composto por 208,0 milhões de cabeças, o que equivale a 20,1% do rebanho mundial (IBGE, 2014). A pecuária bovina no Brasil corresponde a principal atividade econômica do país, em 2014 o valor bruto da produção de carne foi de 51,1 bilhões de reais, sendo que a cadeia produtiva da carne movimenta 167,5 bilhões por ano, gerando aproximadamente 7 milhões de empregos (CONAB, 2015).

A região Nordeste do Brasil apresenta importância na criação de bovinos desde os primórdios da colonização, a partir do desenvolvimento do cultivo da cana de açúcar (EUCLIDES FILHO, 2009). Nesta região a bovinocultura é formada basicamente de animais zebrus ou azebuados criados à pasto, principalmente por sua adaptabilidade às condições edafo-climáticas da região. Como consequência de secas periódicas, baixo potencial genético dos animais e das pastagens, a produção e produtividade são baixas, impondo prejuízos econômicos à atividade (LACERDA et al., 2014).

Cerca de 80% do rebanho é composto por animais puros ou cruzados de raças zebuínas (*Bos indicus*), que são animais de comprovada rusticidade e adaptação ao ambiente predominante no Brasil (ABIEC, 2014). Dentre estas raças, podemos destacar o Tabapuã, esta raça é utilizada principalmente para a produção de carne, e apesar da grande magnitude do rebanho bovino, o Brasil apresenta índices de produtividade considerados baixos, quando comparados a outros países (LACERDA et al., 2014).

De acordo com as principais características dos zebuínos pode se considerar que esses animais têm sido classificados como tardios, em comparação com os bovinos de origem europeia, pois atingem a puberdade a partir de 24 meses, além de apresentarem crescimento lento nas etapas iniciais da vida, mas chegam a atingir tamanhos comparáveis aos taurinos, quando adultos (OLIVEIRA et al., 2002). Além disso,

apresentam capacidade de adaptação aos climas tropicais e podem ser explorados basicamente em sistemas de produção a pasto (SILVEIRA et al., 2004). Entretanto um dos maiores problemas observados para a produção de bovinos nos trópicos é a alta incidência de ectoparasitas causando prejuízos diretos na produção (SOUSA et al., 2012).

Os rebanhos de gado de corte no Brasil, principalmente os comerciais não fornecem informações muito precisas sobre os índices de desempenho produtivo e reprodutivo, as poucas informações disponíveis referem-se a rebanhos de gado puro, em que as condições gerais de criação são mais favoráveis (MALHADO et al., 2010).

Mesmo com a modernização dos sistemas de produção adotados no Brasil a pecuária bovina brasileira ainda apresenta índices produtivos e reprodutivos aquém dos ideais, sendo que o país possui os principais componentes de competitividade internacional como baixo custo de produção e domínio tecnológico do processo (EUCLIDES FILHO, 2009). Com o objetivo de expandir as exportações e atender melhor a demanda interna, buscou-se o melhoramento genético dos animais que visa auxiliar essa otimização, principalmente no que diz respeito aos desempenhos produtivo e reprodutivo dos animais, e tem mostrado resultados relevantes no crescimento da pecuária bovina nacional (MUCARI et al., 2011).

O melhoramento animal é a atividade envolvida no processo contínuo de criação, como práticas de alimentação, manejo, reprodução, sanidade e seleção dos animais domésticos com o objetivo básico de alterar as características dos animais produzidos na geração seguinte, na direção desejada pelo homem (FERREIRA et al., 2011).

O melhoramento genético de bovinos no Brasil já passou por várias fases, desde a busca por desenvolvimento de raças que aliassem à rusticidade e adaptabilidade do zebu ao maior potencial de produção do gado europeu até a realização de estudos relacionados com a determinação de parâmetros genéticos, tudo com o objetivo de aumentar a produção (PEDROSA et al., 2010). O aumento da competitividade no setor agropecuário é uma realidade na pecuária de corte brasileira, onde a busca por animais economicamente produtivos tem levado os criadores a investirem mais na aplicação de novas tecnologias (FARIA et al., 2011).

O melhoramento genético animal na prática, é a busca de animais geneticamente superiores do ponto de vista produtivo e de adaptação ao meio ambiente em que se desenvolve. A pecuária de corte tem como principal objetivo o aumento da lucratividade da empresa, por meio do uso maximizado na reprodução dessa

superioridade genética, acarretando maiores margens e competitividade (PEDROSA et al., 2010).

O mais eficiente programa de melhoramento é aquele que maximiza o lucro do investimento, o qual não é completamente proporcional ao ganho genético, dessa forma, avaliações econômicas, assim como avaliações genéticas, são necessárias para a condução racional e eficiente destes programas (DIAS et al., 2004).

Em áreas tropicais têm sido implantados diversos programas de melhoramento genético, com o objetivo de desenvolverem tecnologias e oferecem serviços de avaliação genética em gado de corte, com ênfase no desenvolvimento e na aplicação de métodos estatísticos adequados para avaliação genética de animais sob seleção, o que tem elevado os índices produtivos (YOKOO et al., 2012). As diferenças genéticas existentes entre as raças bovinas destinadas à produção de carne podem ser aproveitadas por meio de métodos como o cruzamento e a seleção (BOLIGON et al., 2013).

O rebanho bovino brasileiro está em plena evolução mesmo com todas as dificuldades encontradas pelos produtores nos Estados do Nordeste Brasileiro, observa-se melhoria contínua dos seus índices zootécnicos, se tornando cada dia mais produtivo e eficiente (SOUSA et al., 2012).

### **1.1.2. A Raça Tabapuã**

O rebanho bovino brasileiro foi formado por uma grande quantidade de raças originárias da Índia e também da Europa, com um maior predomínio das raças indianas ou zebuínas. Logo após a introdução do Zebu no Brasil a população zebuína teve um crescimento vertiginoso, pois à medida que os reprodutores iam chegando ao Brasil eram encaminhados para as fazendas, onde iam se multiplicando livremente por todo o território nacional (EUCLIDES FILHO, 2009). Com o aumento na população de zebuínos e conseqüentemente expansão da pecuária de corte, os criadores iniciaram um trabalho de seleção priorizando características produtivas, e com isso melhoria do desempenho ponderal (LACERDA et al., 2014).

O ingresso do Zebu no Brasil foi, no princípio, casual, junto com outras importações. Estima-se que apenas 6.300 Zebus ingressaram no país, com o passar do tempo, graças à sua notável adaptação ao ambiente tropical, os animais Zebus aqui multiplicaram-se geograficamente, alcançando a população de 100 milhões de animais (EUCLIDES FILHO, 2009).

Com a difusão do melhoramento genético nos rebanhos zebuínos, houve um aumento do interesse por parte dos criadores no uso de animais geneticamente avaliados. Dessa forma a utilização de uma determinada raça ou tipo racial na produção animal, pode ser justificada pelas características próprias de cada grupo, como tamanho e ou peso corporal dos indivíduos, aptidão, eficiência reprodutiva ou até mesmo pela resistência às doenças e algumas infestações parasitárias (BULLOCK e POLLAK, 2009).

As razões da disseminação dos zebuínos nos trópicos são devido à capacidade de adaptação às condições tropicais como alta umidade e temperatura, bem como a resistência natural que esses animais apresentam contra infecções por endoparasitas e infestações de ectoparasitas (EUCLIDES FILHO, 2009). Entretanto apesar da alta adaptação ao ambiente tropical, os animais de origem zebuína acabam apresentando algumas limitações na sua criação, como a alta taxa de mortalidade no período de pré-desmama (PAULA et al., 2010).

O bovino da raça Tabapuã é um zebuínuo geneticamente formado com característica mocha e originário do município de Tabapuã (SP), daí o nome da raça. Os trabalhos de seleção iniciaram-se em 1940, na Fazenda Água Milagrosa, no interior de Goiás na propriedade da família Ortenblad (SOUSA JÚNIOR et al., 2010).

Os animais da raça Tabapuã são bastante procurados por parte dos produtores, sendo criado com sucesso em quase todos os Estados do Brasil, tendo em vista as vantagens que esta raça apresenta, como produção de carne e seu potencial nas provas de ganho de peso (DIAS et al., 2005). Em primeiro de janeiro de 1971 a raça foi reconhecida oficialmente, a partir daí o Tabapuã foi se difundindo em todo território nacional sendo considerado hoje a raça zebuína que mais cresceu nos últimos 10 anos, tanto nos registros genealógicos de nascimento, como também nos registros genealógicos definitivos (RIBEIRO et al., 2009).

A raça Tabapuã pode ser considerada como uma das melhores para produção de carne em menor tempo, por isso é chamada de ‘o zebu mais precoce’, tratam-se de animais que apresentam um excelente ganho em peso, extrema docilidade, fertilidade, precocidade reprodutiva, boa conformação e excelente habilidade materna, ou seja, vacas precoces, férteis e amorosas que criam bem os bezerros, os quais atingem melhores pesos na desmama dentre todas as raças zebuínas (BARBOSA et al., 2014). O melhoramento da raça Tabapuã tem caráter estritamente econômico, ou seja, preocupa-



se apenas em desenvolver um animal com maior precocidade, ganho de peso e rendimento de carcaça (CARVALHO e MACHADO, 2012).

A raça está sendo selecionada para aumento de ganho de peso, através do Programa de Melhoramento Genético de Zebus (PMGZ) da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ) em parceria com o Instituto de Zootecnia de Sertãozinho, onde o objetivo é identificar e selecionar os animais geneticamente superiores seja por meio de provas de ganho em peso ou teste de progênie (SOUSA JÚNIOR et al., 2010).

### **1.1.3. Desempenho Produtivo de Bovinos**

O consumo de carne bovina teve um considerável aumento nos últimos anos, contribuindo com aumento da demanda de carne tanto no mercado interno brasileiro como por outros países, fazendo com que a pecuária de corte brasileira produza carnes cada vez mais de melhor qualidade (BORBA et al. 2011). Vale resaltar que o Brasil conseguiu posição de destaque como grande produtor de carne bovina devido a intensificação do uso do melhoramento genético como ferramenta para o aumento da eficiência da produção animal (MARQUES et al. 2013).

Com o objetivo de aumentar a produção de carne, os programas de melhoramento genético passaram por adequações nas ultimas décadas, dando ênfase à seleção de animais para maiores peso e/ou ganhos genéticos, pois este tipo de seleção apresenta alta correlação com o objetivo final que é a produção de carne e com isso proporciona maiores progressos genéticos nos rebanhos e maiores lucros com a atividade (BOLIGON et al. 2013).

Os programas de avaliação genética de bovinos de corte preconizam, basicamente, a seleção para maiores pesos e/ou ganhos em peso, uma vez que esse tipo de seleção tem alta correlação como o objetivo final que é a produção de carne (BOLIGON et al. 2013).

Um dos fatores que mais contribuem para os baixos índices de produtividade na pecuária de corte se refere a forma extrativista da bovinocultura brasileira, mas há evidência de que os critérios de seleção usados no passado também contribuíram para o baixo desempenho do gado zebu no Brasil (SIMONELLI et al. 2004).

Estratégias seletivas que visem equilibrar características de crescimento, avaliadas pelos pesos e ganhos de peso às várias idades, e características reprodutivas são desejáveis tanto no aspecto genético como no econômico. Os sistemas de produção de

bovinos de corte são caracterizados por antagonismo genético entre aumento da taxa de crescimento até a idade de abate, na fase de produção, e a redução das exigências nutricionais das matrizes do rebanho na fase de reprodução (SOUZA et al., 2010).

Características de crescimento têm sido consideradas como prioritárias na seleção em bovinos de corte, onde a taxa ou velocidade de crescimento vem sendo utilizada como critério de seleção há várias décadas e é expressa como ganho médio diário em diferentes períodos ou como peso ajustado para certas idades. As estimativas de herdabilidade dessa característica variam de média a alta magnitude e as correlações genéticas são positivas, as respostas diretas e correlacionadas à seleção têm sido sempre expressivas (MARQUES et al., 2013).

A utilização da seleção para peso é importante apenas na bovinocultura de corte e sua utilização em larga escala, quando bem conduzida, pode trazer benefícios econômicos (SIMONELLI et al. 2004).

Nos sistemas de produção de gado de corte, a receita é resultante, principalmente, da venda dos animais, à desmama ou para o abate. Portanto, o ganho de peso nos períodos pré e pós desmama representa um fator determinante da lucratividade do sistema, juntamente com o desempenho reprodutivo (BITTENCOURT et al. 2002).

O crescimento é considerado como um fenômeno biológico de grande importância na produção animal, pois caracteriza-se como um processo de desenvolvimento corporal de alta eficiência econômica (BOLIGON et al., 2008b).

Características produtivas estão incluídas na grande maioria dos programas de melhoramento de gado de corte no Brasil por serem determinantes da quantidade de produto final por animal, por terem herdabilidade de moderada a alta, e também por serem mais fáceis de obter e analisar. Entre as características avaliadas pode-se considerar pesos em idades padrão ou ganhos de peso em determinados períodos como sendo as mais utilizadas nestes programas (BORBA et al., 2011).

Em bovinos de corte as características de crescimento são afetadas não somente pelo genótipo do animal, mas também pelo ambiente e pelo efeito materno determinado pelos seus genes de habilidade materna (SIMONELLI et al. 2004).

Variáveis produtivas são bastante importantes para programas de melhoramento genético, porém além destas variáveis faz-se necessário estimar os componentes de (co) variâncias dessas características de forma a conhecer o quanto estão colaborando para auxiliar na produção de bovinos de corte, bem como os parâmetros genéticos (MARQUES et al. 2013).

Entre as medidas de crescimento corporal possíveis de utilização, uma das mais comuns, que não altera o organismo sob análise e que pode ser mensurada a baixo custo, é o peso em determinadas idades. Com vistas à padronização das análises, os programas de melhoramento estabelecem determinadas idades às quais os pesos são ajustados antes de serem avaliados. Essas idades recebem a denominação de idades padrão e são adotadas segundo princípios biológicos ou meramente cronológicos. As análises consideram que os pesos ajustados à determinada idade, são observações de característica diferente das formadas pelos pesos em outras idades (QUEIROZ, 2012).

A característica peso ao nascimento mede a capacidade materna da vaca, bem como o potencial do crescimento pré natal do bezerro. A estimativa média de herdabilidade, para as raças Zebus em conjunto é de 0,33, que pode ser considerada de mediana a alta. Esse valor indica que a seleção massal resulta em progressos apreciáveis para a característica (PEREIRA, 2012).

A característica peso a desmama ou ganho em peso do nascimento a desmama apresenta forte influencia materna. Crescimento pré desmama é influenciado pelos efeitos genéticos diretos, efeitos genéticos maternos e efeitos ambientes associados. As estimativas de herdabilidade de peso à desmama giram em torno de 0,30. O peso a desmama retrata em parte a capacidade materna da vaca, notadamente sua produção leiteira (PEREIRA et al., 2012).

A característica peso aos 365 dias mede em grande parte, a capacidade do bezerro em ganhar peso, muitas vezes em condições ambientes adversas, visto que a desmama ocorre principalmente no início do período seco. A estimativa média de herdabilidade desta característica é de 0,35, considerada alta e portanto responde aos processos de seleção massal. Observa-se que os pesos aos 365 e aos 550 dias de idade mostram herdabilidades altas, indicando que a seleção massal pode ser efetivada (PEREIRA et al., 2012).

#### **1.1.4. Modelos de Uni e Multi-características**

As principais fontes de informação utilizadas nas avaliações genéticas de gado de corte são os pesos corporais tomados durante a vida dos animais. Para padronizar as análises, os programas de melhoramento estabelecem determinadas idades as quais são ajustadas antes de serem avaliados, sendo conhecidas como idades-padrão,

determinadas segundo princípios biológicos ou meramente cronológicos. Estas análises consideram cada peso como sendo uma característica distinta (BOLIGON et al., 2013).

A eficiência dos programas de melhoramento depende da precisão com que os indivíduos submetidos a seleção são avaliados. No processo de avaliação, são vários os fatores que podem interferir na sua eficiência, destacando-se, a quantidade e a qualidade das informações utilizadas, o modelo estatístico e a metodologia adotada (BALDI et al., 2010).

A utilização de modelos de características múltiplas em análises conjuntas de pesos ajustados as idades-padrão fornece informações sobre as relações lineares existentes entre cada par de idades, porém nenhuma inferência pode ser feita a respeito dos pesos nas idades intermediárias. Por outro lado os modelos de regressão aleatória permitem a predição de valores genéticos para a curva de crescimento como um todo, para qualquer idade desejada (SAKAGUTI et al., 2003).

A seleção para alterar a forma da curva de crescimento dos animais, aumentando a taxa de crescimento até o peso de abate sem alterar o tamanho adulto, tem sido preconizada como uma alternativa para melhorar a eficiência de produção em gado de corte (ALBUQUERQUE et al., 2007).

As análises convencionais para estimar os componentes de covariância e os parâmetros genéticos para características de crescimento são realizadas, em geral, por meio de análises uni ou multicaracterísticas, com variâncias não estruturadas, sendo estes modelos denominados de "modelos de dimensão finita". Nos modelos de dimensão finita, as covariáveis entre as produções nos diversos controles variam e as correlações podem ser menores que a unidade, não sendo feitas pressuposições sobre a estrutura de covariância. Assim o número de parâmetros a ser estimado é igual a  $[t(t+1)N] / 2$ , onde  $t$  é o número de características ou de medidas repetidas por animal e  $N$  é o número de componentes de variância que serão estimados por característica (RIBEIRO et al., 2009). O fator limitante para a utilização desta metodologia é o elevado número de características ou medidas repetida por animal, o que torna as análises lentas e exige muita memória computacional (ALBUQUER e FARO, 2008).

As análises unicaracterísticas pelo fato de considerar apenas o estudo de uma característica isolada e fornecer pouca informação a respeito da população, seu uso vem sendo substituído pelas análises bi e multicaracterísticas que apresentam como vantagens o aumento da variabilidade dos dados, além de permitir o estudo de associação e correlação entre as características estudadas (AMARAL et al., 2014).

As análises bi e multicaracterísticas permitem utilizar simultaneamente as informações de todas as variáveis respostas na interpretação do conjunto de dados, levando em consideração a correlação entre elas. No estudo de características de crescimento de bovinos o uso destas análises é justificado pelo fato de permitir examinar diversas variáveis simultaneamente e quantitativamente e realizar correlações (SOUZA et al., 2010).

Os modelos de dimensão finita são utilizados na bovinocultura de corte, pois fornecem previsões para determinados pontos ou idade durante o crescimento dos animais (FARO e ALBUQUERQUE, et al., 2003).

### **1.1.5. Modelos de Regressão Aleatória**

Em gado de corte, normalmente, para características de crescimento, os valores genéticos são preditos e os componentes de variâncias são estimados, considerando-se os pesos às idades padrão como, por exemplo nascimento, desmama, ano e final ou ganhos em pesos entre estas idades. Para isso são formadas classes arbitrárias e as produções são ajustadas a uma determinada idade e os componentes de variância e os valores genéticos dos animais são obtidos por meio de análises uni ou multicaracterísticas, nestes casos, as correlações entre as produções nas diferentes idades são consideradas diferentes de zero, entretanto, não se assume qualquer estrutura de covariâncias entre as medidas (ARAÚJO et al., 2006).

Na produção animal, algumas das características de maior interesse econômico são mensuradas várias vezes durante a vida do animal, como peso e características morfométricas, quando o intuito é analisar a evolução dessa característica no decorrer da vida do animal (BALDI et al., 2010). Dados obtidos por múltiplas mensurações em um animal são considerados como longitudinais. Este tipo de dado permite modelar a mudança da herdabilidade e das correlações ao longo do tempo (SARMENTO et al., 2011). Nestas características o fenótipo do indivíduo pode ser descrito por uma função, em vez de um número finito de mensurações, exemplo, a trajetória de crescimento de um animal, a qual pode ser considerada como uma função contínua que relaciona a idade do indivíduo com algumas mensurações de seu tamanho. Desta forma, o tamanho do indivíduo para cada idade diferente, pode ser considerado como característica diferente, havendo então um número infinito de idades (SARMENTO et al., 2010).

A teoria sobre modelos de regressão aleatória (MRA) foi inicialmente proposta por Henderson Júnior (1982). De acordo com o autor, se há um coeficiente de regressão pertencentes a cada indivíduo em um experimento, e se há uma amostra aleatória de indivíduos, então os coeficientes de regressão devem ser considerados como aleatórios (DIAS et al., 2006). Ainda em 1982, três meses depois da publicação de Henderson Júnior foi publicado um outro artigo que apresentou a teoria de modelos de efeitos aleatórios para dados longitudinais, aplicado a estudos envolvendo a poluição do ar sobre a saúde (SARMENTO et al., 2010).

Os modelos de regressão aleatória tem sido propostos como uma alternativa para modelar características como crescimento e produção de leite que são medidas repetidamente na vida dos animais e têm sido amplamente estudados em algumas espécies de animais domésticos (DIAS et al., 2006). Estes modelos em virtude de suprir as deficiências dos métodos convencionais de análises genéticas quantitativas, estes últimos os quais se consideram os valores fenotípicos intrinsecamente processos contínuos, como processos discretos. Com os modelos de regressão aleatória, os coeficientes de regressão aleatória em função do tempo são obtidos para cada animal, ao invés do uso do modelo de repetibilidade para características únicas ou do modelo de característica múltipla (SOUSA JÚNIOR et al., 2010).

Uma diferença entre os modelos de regressão aleatória e os tradicionais modelos animais está na inclusão de colunas de covariáveis na matriz de incidência dos efeitos aleatórios, em substituição às colunas de zero e um. Em comparação aos modelos multicaracterísticas, que fornecem previsões para determinados pontos ou idade, os modelos de regressão aleatória permitem a predição de valores genéticos para a curva de crescimento ou lactação como um todo, para qualquer ponto desejado na escala de tempo utilizada e para funções da curva (FARO e ALBUQUERQUE, 2003).

Com modelos de regressão aleatória, ajusta-se uma curva de regressão fixa para levar em conta a tendência média da população e, no mínimo mais duas equações de regressão aleatória, para o efeito genético direto e para o ambiente permanente de animal, pelo fato de existirem medidas repetidas em um mesmo animal (FARO e ALBUQUERQUE, 2003). Assim, a curva genética de cada indivíduo é predita como desvio da trajetória média da população, regressão fixa. Desta forma, ao invés de valores genéticos para determinados pontos da curva de crescimento, em idades consideradas como padrão, são preditos valores genéticos para os coeficientes de regressão genéticos. A partir destes, pode-se descrever a curva de crescimento genético

de cada animal e encontrar DEP's para qualquer idade desejada, mesmo para idades que o animal não tenha sido mensurado, desde que estas estejam dentro do intervalo de idades avaliadas (SARMENTO et al., 2010).

A utilização dos modelos de regressão aleatória, em avaliações genéticas, comparada aos modelos tradicionais, apresenta as seguintes vantagens: permite a utilização de dados de animais com apenas uma observação, abrangem todo o intervalo contínuo em que as medidas forem tomadas, permitindo prever o valor genético dos animais em qualquer ponto desse intervalo, permite uma melhor utilização dos dados, já que todas as medidas do animal e de seus parentes são utilizadas para avaliação do mesmo, com potencial aumento da acurácia de seleção, permite a estimação de curvas de crescimento individuais considerando o relacionamento existente entre os animais, podem se utilizar mais eficientemente as informações disponíveis, sem a necessidade de empregar ajustes arbitrários para idades consideradas como padrão, permite estimação de um menor número de parâmetros, principalmente quando se objetiva obter parâmetros genéticos entre várias características analisadas simultaneamente, os efeitos de ambiente peculiar a cada pesagem podem ser considerados na análise (PELICIONI et al., 2009; SARMENTO et al., 2010).

Outra vantagem da utilização de modelos de regressão aleatória é estimar com maior acurácia os componentes de covariância genéticos e fenotípicos, pois levam em conta as mensurações em função do tempo, usando informações de todas as observações e, também, permitem obter estimativas para as variâncias de ambiente temporário ou erros de mensuração (SOUSA JÚNIOR et al., 2010).

Os modelos de regressão aleatória têm sido utilizados para modelar uma grande variedade de características em diversas espécies, com destaque para modelagem da curva de crescimento de bovinos de corte (PELICIONI et al., 2009). A utilização dos modelos de regressão aleatória em avaliações genéticas da curva de crescimento requer o ajuste de uma função contínua fixa, que é denominada de trajetória média de crescimento, para representar a tendência de crescimento do peso corporal médio da população. As curvas aleatórias de cada animal são obtidas como desvio da trajetória média de crescimento. Desta forma modelar corretamente a trajetória média em modelos de regressão aleatória é imprescindível (ARAÚJO et al., 2006; SARMENTO et al., 2010).

No Brasil alguns trabalhos utilizando modelos de regressão aleatória tem sido realizados com a finalidade de estudar características de crescimento em bovinos de

corte. Sakaguti et al. (2003) aplicaram modelos de regressão aleatória para estimar funções de covariância para pesos dos 365 aos 550 dias de idade em bovinos da raça Tabapuã, concluindo que tais modelos permitiram estimar componentes de variâncias em qualquer idade, além de fornecer parâmetros adicionais úteis as avaliações genéticas de bovinos de corte.

De modo semelhante, Dias et al. (2005) estimaram parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade através de modelos de regressão aleatória e concluíram que tais modelos mostraram-se adequados para descrever as mudanças de variâncias dos pesos. Por outro lado, analisando curva de crescimento através de modelos de regressão aleatória e de característica múltiplas, considerando pesos do nascimento aos 733 dias de idade, Nobre et al. (2003) observaram que os modelos de regressão aleatória foram mais sensíveis a problemas amostrais em relação aos de característica múltipla.

Em gado de corte são poucos os trabalhos empregando regressão aleatória para características de crescimento, ou seja, para avaliação de pesos em diferentes idades e, a alta demanda em recursos computacionais tem, até o momento, inviabilizando o emprego desta metodologia em sistemas de avaliações genéticas que fazem uso de grandes bancos de dados (FERRIANI et al., 2013).

Em estudo sobre peso do nascimento aos 733 dias de idade de bovinos da raça Nelore, através de modelos de características múltiplas e por regressão aleatória, Nobre et al. (2003) relataram estimativas de herdabilidade para o efeito direto, maiores no final do período estudado, variando de 0,20 a 0,35. As estimativas de herdabilidade do efeito materno, foram maiores até a desmama (0,12), diminuindo posteriormente (0,07). Entretanto, tais autores alertam que registros perdidos em determinadas idades podem influenciar os resultados obtidos através de modelos de regressão aleatória.

Na avaliação genética de bovinos de corte há vantagem na utilização de modelos de regressão aleatória, devido a este modelo computar melhor os efeitos ambientais que podem afetar os animais em diferentes períodos da vida, tolerar formas distintas da curva de crescimento para cada vaca e também avaliação baseada em um ou mais registros do dia da pesagem durante a produção (ALBUQUERQUE e FARO, 2008).

Dias et al. (2006) afirmaram que os modelos de regressão aleatória mostraram-se adequados quando comparados com análises unicaracterísticas para descrever as mudanças que ocorrem nas variâncias dos pesos do nascimento aos 550 dias de idade.



Nos modelos de regressão aleatória tem-se empregado, em sua maioria, o polinômio ortogonal de Legendre, pois são mais recomendados para análises com dados longitudinais. A utilização destes modelos irá aumentar o número de parâmetros a serem estimados e os requerimentos computacionais (SOUSA JÚNIOR et al., 2010).

#### **1.1.6. Parâmetros Genéticos**

Na elaboração de programas de seleção, é de extrema importância o conhecimento dos parâmetros genéticos relacionados ao desenvolvimento dos animais, como correlações e herdabilidades das características a serem trabalhadas, pois constituem elementos básicos para o estabelecimento de diretrizes que possam orientar o melhoramento genético dos animais (LACERDA et al., 2014).

Estes parâmetros são necessários para estimar as respostas diretas e correlacionadas à seleção, para elaborar índices de seleção, prever o valor genético dos animais e estudar os efeitos das interações genótipo-ambiente (MARCONDES et al., 2011).

Os parâmetros genéticos são definidos pelos componentes de variância, nas diversas populações, ou seja, são específicos para determinada população. O conhecimento dos parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais de características de valor econômico é de fundamental importância para o delineamento de programas de seleção em bovinos de corte, pois permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção. São três os tipos de parâmetros genéticos a herdabilidade, a repetibilidade e correlação genética (FERRAZ FILHO et al., 2002).

A herdabilidade é o parâmetro de maior importância, pois determina a estratégia a ser usada no melhoramento da característica em questão. A herdabilidade de uma característica é a proporção de variância genética sobre a variância fenotípica total resultante da variância genética aditiva existente na população, onde os coeficientes de herdabilidade estimados para as características permitem avaliar a viabilidade de sua inclusão nos programas de seleção (PEDROSA et al., 2010).

No estudo de características quantitativas, a principal função da herdabilidade é seu caráter preditivo, ou seja, ela expressa o grau de confiança do valor fenotípico como indicador do valor genético, em outras palavras a herdabilidade mede o grau de correspondência entre fenótipo e valor genético o que vai influenciar a próxima geração (FARO e ALBUQUERQUE, 2003).

Estimativas de herdabilidades para pesos corporais em populações de zebuínos têm apresentado variações consideráveis, onde os valores desta estimativa variam com a composição genética da população e com as condições do ambiente, às quais estão submetidas as populações (FERRAZ FILHO et al., 2002). Para a raça Tabapuã Dias et al. (2006) encontraram estimativas de herdabilidade direta de 0,28 para peso ao nascimento, 0,21 para peso aos 240 dias, 0,24 para peso aos 550 dias de idade. Ferraz Filho et al. (2002) encontraram estimativas de herdabilidades direta de 0,23 para peso aos 205 dias, 0,21 para peso aos 365 dias e 0,15 para peso aos 550 dias. Sousa Júnior et al. (2010) encontraram estimativas de herdabilidades direta de 0,15 para peso ao nascimento, 0,11 para peso aos 20 dias e 0,45 para peso aos 660 dias. Ribeiro et al. (2007) encontraram estimativas de herdabilidade direta de 0,20 para peso aos 205 dias, 0,21 para peso aos 365 dias e 0,16 para peso aos 550 dias.

Estimativas de herdabilidade materna em gado de corte são importantes, pois os efeitos maternos influenciam significativamente as características de crescimento até o desmame, embora efeitos significativos ainda permaneçam após o desmame. Neste sentido os efeitos maternos devem ser considerados na estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento, já que, tanto o genótipo do animal como o genótipo da sua mãe afetam o crescimento do animal (FERRICIANI et al., 2013). Segundo Baldi et al. (2010) os modelos que não levam em consideração o efeito aditivo materno conduzem a superestimação nas estimativas de herdabilidade direta.

Valores de herdabilidades materna relatados por Dias et al. (2006) são de 0,05 para peso ao nascimento, 0,10 para peso aos 160 dias, 0,08 para peso aos 240 dias, 0,02 para peso aos 550 dias. Sousa Júnior et al., (2010) encontraram valores de herdabilidade materna de baixa magnitude em estudo para estimação de funções de covariância para características de crescimento da raça Tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória com dados oriundos de bovinos Tabapuã no Estado da Bahia.

O coeficiente de correlação mede o grau e da direção da associação linear entre duas características, esta associação pode ser provocada por efeitos genéticos e ambientais. Promovendo uma conexão entre as características analisadas, devido o ganho genético em uma característica resultante da seleção ser indiretamente aplicada em outra (FARIA et al., 2011).

A correlação genética entre duas características, corresponde a correlação entre os efeitos dos genes que as influenciam, entretanto não existe dependência funcional entre uma variável e a outra (PEREIRA et al., 2012)

Quando se trabalha com características ponderais principalmente peso, a estimação das correlações genética, fenotípica e ambiental serve como base para poder determinar a carga hereditária responsável pela expressão da característica peso ou ganho em peso, numa certa época, é, pelo menos em parte responsável pela expressão em outra época ou idade. Estatisticamente a correlação pode ser definida como o processo utilizado para medir o grau de associação entre duas características ou a associação entre uma mesma característica em épocas diferentes (PEREIRA et al., 2012).

O coeficiente de correlação genética mede o grau de associação genética entre duas características. Geralmente em gado de corte, as estimativas de correlações genéticas entre pesos em diferentes idades são positivas e com magnitude de moderada a alta (BALDI et al., 2010).

Vários autores, estudando raças zebuínas, determinaram as correlações fenotípicas, genéticas e de ambiente entre pesos e diferentes idades. Nestes estudos (FERRAZ FILHO et al., 2002; DIAS et al., 2006; PELICIONI et al., 2009; SOUSA JÚNIOR et al., 2010) os autores encontraram valores elevados de correlações para aquelas características sugerindo que a maioria dos genes com efeitos aditivos e que a maior parte dos efeitos ambientais que favorecem uma característica também favorecem outras.

Apesar do grande número de estimativas daqueles parâmetros genéticos tanto para peso ao desmame, como para pesos ao ano e sobreano, o relato de novas estimativas auxiliam na tomada de decisões de manejo e seleção de rebanho, contribuindo com novas informações, principalmente para o criador de bovinos da raça Tabapuã, onde são poucas as referências disponíveis (FERRAZ FILHO et al., 2002).

Para a raça Tabapuã Ferraz Filho et al. (2002) encontraram estimativas de correlação genética de 0,23 para peso aos 205 dias, 0,81 para peso aos 365 dias e 0,83 para peso aos 550 dias de idade, correlações altas entre os caracteres analisados, sugerindo que grande parte dos genes de ação aditiva que influenciam uma característica também influenciam as outras.

Dias et al. (2006) obtiveram estimativas de correlações genéticas diretas moderadas entre o peso ao nascimento e às demais idades, sendo 0,58; 0,50 e 0,32 entre o peso ao nascer e aos 240, 365 e 550 dias de idade respectivamente. Entre os pesos aos 240 e 365 dias, aos 240 e 550 dias e aos 365 e 550 dias, as estimativas foram altas 0,98; 0,78 e 0,88 respectivamente.

Sousa Júnior et al. (2010) encontraram correlações genéticas estimadas entre o peso ao nascimento e os pesos até os 365 dias de idade positivas, de moderadas a altas magnitudes, com tendência de diminuição após esse período. As correlações genéticas estimadas entre os pesos da desmama aos 660 dias de idade foram altas e positivas e indicam que a maior parte dos genes responsáveis por maiores pesos nesse período são os mesmos.

Nobre et al. (2003) em estudo para avaliar pesos medidos do nascimento aos 733 dias de idade em bovinos estimaram correlações genéticas entre os pesos aos 333 dias e pesos dos 243 a 426 dias de idade acima de 0,80 para rebanhos da raça Nelore, indicando que os pesos dos 250 dias aos 450 dias poderiam ser ajustados aos 333 dias de idade e analisados como um único peso. Porém as correlações genéticas obtidas entre pesos medidos em idades inferiores a 600 dias foram abaixo de 0,60 sugerindo que o peso aos 683 dias de idade não pode ser predito através de pesos obtidos em idades anteriores.

## 2. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABIEC, Associação Brasileira das indústrias Exportadoras de Carnes. Disponível em: [http://www.abiec.com.br/3\\_rebanho.asp](http://www.abiec.com.br/3_rebanho.asp), Acesso em 17/11/2014.

ALBUQUERQUE, L.G.; MERCADANTE, M.E.Z.; ELER, J.P. Aspectos da seleção de *Bos indicus* para produção de carne: revisão bibliográfica. **Boletim de Indústria Animal**, v.64, n.4, p.339-348, 2007.

ALBUQUERQUE, L. G.; FARO, L. E. Comparações entre os valores genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Nelore preditos com modelos de dimensão finita ou infinita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 2, p. 238-246, 2008.

AMARAL, R. S.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R. AMBROSINI, D. P.; MALHADO, C. H. M. Tendências, parâmetros fenotípicos e genéticos de características de crescimento em bovinos Nelore mocho do Nordeste Brasileiro. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 15, n.2, p. 261-271, 2014

ARAÚJO, C. V.; TORRES, R. A.; COSTA, C. N.; TORRES FILHO, R. A.; ARAÚJO, S. I.; LOPES, P. S.; REGAZZI, A. J.; PEREIRA, C. S.; SARMENTO, J. L. R. Uso de modelos de regressão aleatória para descrever a variação genética da produção de leite na raça Holandesa. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, n. 3, p. 975-981, 2006.

BALDI, F.; ALENCAR, M. M.; ALBUQUERQUE, L. G. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchim utilizando modelos de dimensão finita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 11, p. 2409-2417, 2010.

BARBOSA, F. A.; BORGES, D. N.; CABRAL FILHO, S. L. S.; GRAÇA, D. S.; ANDRADE, V. J.; SOUZA, C. E.; LEÃO, J. M.; MANDARINO, R. A. Desempenho de bovinos Tabapuã e seus cruzados em pastagens de braquiaria no Estado da Bahia. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 66, n. 1, p. 253-258, 2014.

BITTENCOURT, T.C.C.; ROCHA, J.C.M.C.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.F. Estimação de componentes de (co) variâncias e predição de DEP's para características de crescimento pós-desmama de bovinos da raça Nelore, usando diferentes modelos estatísticos. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, n.3, p.467-472, 2002.

BOLIGON, A.A.; VOZZI, P.A.; NOMELINI, V.J.; RORATO, P.R.N.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. Parâmetros genéticos para idade ao primeiro parto estimados por

diferentes modelos para rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.2, p.432-436, 2008a.

BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; RORATO, P.R.N. Associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.4, p.596-601, 2008b.

BOLIGON, A.A.; SALA, V.E.; MERCADANTE, M.E.Z.; RIBEIRO, E.G.; CYRILLO, J.N.D.G. ALBUQUERQUE, L.G. Parâmetros genéticos para diferentes relações de peso ao nascer e à desmama em vacas da raça Nelore. **Ciência Rural**, v.43, n.4, p.676-681, 2013.

BORBA, L.H.F.; REY, F.S.B.; SILVA, L.O.C.; BOLIGON, A.A.; ALENCAR, M.M. Parâmetros genéticos para características de crescimento e reprodução de bovinos da raça Canchim. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, n.11, p.1570-1578, 2011.

BULLOCK, K. D.; POLAK, E. J. Beef Symposium: The evolution of beef cattle genetic evaluation. **Journal of Animal Science**, v. 87. n. 10, p.25-27, 2009.

CARVALHO, F. J.; MACHADO, C. H. C. Correlação entre avaliação fenotípica e índices finais na classificação das PGP's a pasto na raça Tabapuã. **Cadernos de pós graduação da FAZU**, v. 3, n. 1, p. 1-6, 2012.

CHAUDHRY, A.S. Forage based animal production systems and sustainability, an invited keynote. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, suplemento especial, p.78-84, 2008.

CONAB: Companhia Nacional de Abastecimento. Indicadores da Agropecuária: Quadro de Suprimentos. Disponível em <http://www.conab.gov.br/conteudos.php?a=1470&t=2>. Acesso em 18 de julho de 2015.

DIAS, L.T.; FARO, L.E.; ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de herdabilidade para idade ao primeiro parto de novilhas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.1, p.97-102, 2004.

DIAS, L. T.; ALBUQUERQUE, L. G.; TONHATI, H.; TEIXEIRA, R. A. Estimação de parâmetros genéticos para peso em diferentes idades para animais da raça Tabapuã. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n. 6, p. 1914-1919, 2005.

DIAS, L. T.; ALBUQUERQUE, L. G. T. H.; TEIXEIRA, R. A. Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, n. 5, p. 1915-1925, 2006.

EUCLIDES FILHO, K. Evolução do melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil. **Revista Ceres**, v. 56, n.5, p. 620-626, 2009.

FARIA, L. C.; QUEIROZ, S. A.; VOZZI, P. A.; LOBO, R. B.; BEZERRA, L. A.; MAGNABOSCO, C. U.; OLIVEIRA, E. J. A. Estudo genético quantitativo de características de crescimento de bovinos da raça Brahman no Brasil. **Ars Veterinária**, v. 27, n.1, p.030-035, 2011.

FARO, L. E.; ALBUQUERQUE, L. G. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 5, p. 1104-1113, 2003.

FERRAZ FILHO, P. B.; RAMOS, A. A.; SILVA, L. O. C.; SOUZA, J. C.; ALENCAR, M. M. Herdabilidade e correlações genéticas, fenotípicas e ambientais para pesos em diferentes idades de bovinos da raça Tabapuã. **Archives of Veterinary Science**, v. 7, n. 1, p. 65-69, 2002.

FERREIRA, E. T.; NABINGER, C. ELEJALDE, D. A. G.; FREITAS, A. K.; SCHMITT, F.; TAROUCO, J. U. Terminação de novilhos de corte Angus e mestiços em pastagem natural na região da Campanha do RS. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, n. 9, p. 2048-2057, 2011.

FERRIANI, L.; ALBUQUERQUE, L. G.; BALDI, F. S. B, VENTURINI, G. C, BIGNARDI, A. B.; SILVA, J. A. V.; CHUD, T. C. S.; MUNARI, D. P.; OLIVEIRA, J. A. Parâmetros genéticos de carcaça e de crescimento de bovinos da raça Nelore. **Arquivos de Zootecnia**, v. 62, n. 237, p. 123-129, 2013.

IBGE, Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produção da pecuária municipal**. v.38, p. 1-65, Rio de Janeiro, 2014.

IBGE, Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/indicadores/agropecuaria/producaoagropecuaria/default.shtm>. Acesso em 20 de Julho de 2015.

LACERDA, J.J.D.; CARNEIRO, P. L.S.; MARTINS FILHO, R.; MALHADO, C.H.M. Parâmetros e tendências genéticas para características de crescimento em bovinos da raça Nelore no Estado da Bahia utilizando inferência bayesiana. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.15, n.1, p.10-19, 2014.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P. L.S.; MALHADO, A. C. MARTINS FILHO, R. BOZZI, R. LADLE, R. J. Genetic improvement and population structure of the Nelore breed in Northern Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.10, p.1109-1116, 2010.

MARCONDES, C. R.; ARAÚJO, R. O.; VOZZI, P. A.; GUNSKI, R. J.; GARNERO, A. V.; LOBO, R. B. Análise bayesiana do índice perímetro escrotal/peso de animais Nelore do estado do Tocantins, Brasil. **Arquivos de Zootecnia**, v. 60, n. 232, p.871-882, 2011.

MARQUES, E.G.; MAGNABOSCO, C.U.; LOPES, F.B.; SILVA, M.C. Estimativas de parâmetros genéticos de características de crescimento, de carcaça e perímetro escrotal de animais da raça Nelore avaliados em provas de ganho em peso em confinamento. **Bioscience Journal**, v.29, n.1, p. 159-167, 2013.

MUCARI, T.B.; ALENCAR, M.M.; BARBOSA, P.F.; BARBOSA, R.T. Análise genética do período de gestação em animais de um rebanho Canchim: estimação de parâmetros genéticos e escolha entre modelos animais alternativos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.6, p.1211-1216, 2011.

NOBRE, P. R. C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; BERTRAND, J. K.; SILVA, L. O. C.; LOPES, P. S. Analyses of growth curves of Nelore cattle by multipli-trait and random regression model. **Journal of Animal Science**, v. 81, n. 4, p. 918-926, 2003.

OLIVEIRA NETO, O. J.; MACHADO, A. G.; FIGUEIREDO, R. S.; Comportamento da base e análise do risco de base na comercialização do boi gordo no estado do Goiás, Brasil. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 39, n.3, p.207-217, 2009.

OLIVEIRA, J.H.F.; MAGNABOSCO, C.U.; BORGES, A.M.S.M. **Nelore: Base genética e evolução seletiva no Brasil**. ISSN 1517-5111. 2002. 54p

PAULA, E. J. H.; MAGNABOSCO, C. U.; VIU, M. A. O.; LOPES, D. T.; SAINZ, R. D.; SAUERESSIG, M. G.; MARTHA JUNIOR, G. B.; WILLIAMS, C. Simulação dos impactos da seleção para crescimento e habilidade materna sobre a eficiência reprodutiva de um rebanho nelore. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 11, n.3, p. 641-650, 2010.

PEDROSA, V. B.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; SILVA, J. A. V.; RIBEIRO, S.; SILVA, M. R.; PINTO, L. F. B. Parâmetros genéticos do peso adulto e características de desenvolvimento ponderal na raça Nelore. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.11, n.1, p.104-113, 2010.

PELICIONI, L. C.; ALBUQUERQUE, L. G.; QUEIROZ, S. A. Estimação de componentes de co-variância para pesos corporais do nascimento aos 365 dias de idade de bovinos Guzerá empregando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 1, p. 50-60, 2009.

PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 6ª ed. FEPMVZ Editora. 2012. 758p.



PEREIRA, J. C. C.; RIBEIRO, S. H. A.; SILVA, M. A.; BERGMAN, J. A. G.; COSTA, M. D. Análise genética de características ponderais e reprodutivas de fêmeas bovinas Tabapuã. **Arquivos Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 57, n. 2, p. 231-236, 2005.

QUEIROZ, S. A. **Introdução ao Melhoramento Genético de Bovinos de Corte**. 1ª ed. Agrolivros Editora. 2012. 152 p.

RIBEIRO, S. H. A.; PEREIRA, J. C. C.; VERNEQUE, R. S. et al. Estudo genético quantitativo de características de crescimento na raça Tabapuã. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 59, n. 2, p. 473-480, 2007.

RIBEIRO, S. H. A.; PEREIRA, J. C. C.; VERNEQUE, R. S.; SILVA, M. A.; BERGMANN, J. A. G. Efeito da covariância genética aditivo-materna sobre estimativas de parâmetros genéticos e em avaliações genéticas de características de crescimento de animais Tabapuã. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 61, n. 2, p. 401-406, 2009.

SAKAGUTI, E. S.; SILVA, M. A.; QUAAS, R. L.; MARTINS, E. N. M.; LOPES, P. S.; SILVA, L. O. C. Avaliação do crescimento de bovinos jovens da raça Tabapuã por meio de análises de funções de covariâncias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 4, p. 864-874, 2003.

SARMENTO, J. L. R.; TORRES, R. A.; LOBO, R. N. B.; ALBUQUERQUE, L. G.; SOUSA, W. H.; SOUSA, J. E. R. Modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 8, p. 1723-1732, 2010.

SARMENTO, J. L. R.; TORRES, R. A.; SOUSA, W. H.; LOBO, R. N. B.; SOUSA, J. E. R.; CAVALCANTE NETO, A.; Ó, A. O. Efeito materno sobre a curva de crescimento de ovinos Santa Inês por meio de modelos de regressão aleatória. **Comunicata Scientiai**, v. 2, n. 2, p.113-121, 2011.

SILVEIRA, A.C.; GARCIA, J.A.S.; LOUVANDINI, H. SILVEIRA, J.C.; McMANUS, C.M.; MASCIOLI, A.S.; SILVA, L.O.C. Fatores ambientais e parâmetros genéticos para características produtivas e reprodutivas em um rebanho Nelore no Estado do Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.1432-1444, 2004.

SIMONELLI, S.M.; SILVA, M.A.; PEREIRA, J.C.C, SOUZA, J.E.R.; VENTURA, R.V.; VALENTE, B.D. Critérios de seleção para características de crescimento em bovinos da raça Nelore. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 56, n.3, p.374-384, 2004.

SIQUEIRA, J.B.; GUIMARÃES, J.D.; PINHO, R.O. Relação entre perímetro escrotal e características produtivas e reprodutivas em bovinos de corte: uma revisão. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**. v. 37, n.1, p.3-13, 2013.

SOUSA JÚNIOR, S. C.; OLIVEIRA, S. M. P.; ALBUQUERQUE, L .G.; BOLIGON, A. A.; MARTINS FILHO, R. Estimação de funções de covariância para características de crescimento da raça tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 5, p. 1037-1045, 2010.

SOUSA, G.G.T.; SOUSA JÚNIOR, S.C.; SANTOS, K.R.; GUIMARÃES, J.E.C.; LUZ, C.S.M.; BARROS JÚNIOR, C.P.; FONSECA, W.J.L. Características reprodutivas de bovinos da raça Nelore do meio Norte do Brasil. **PUBVET, Publicações em Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.6, n.21, p. 1-25, 2012.

SOUZA, J.C.; SALLES, F.M., SILVA, L.O.C.; MOTA, M.F.; FREITAS, J.A.; MALHADO, C.H.M.; FERRAZ FILHO, P.B. Avaliação de características produtivas em animais da raça Nelore por meio de análise multivariada. **Revista Brasileira de Ciências Veterinárias**, v.17, n.3/4, p.99-103, 2010.

THOLON, P.; QUEIROZ, S. A.; Modelos matemáticos utilizados para descrever curvas de crescimento em aves aplicados ao melhoramento genético animal. **Ciência Rural**, v. 39, n. 7, p. 2261-2269, 2009.

YOKOO, M.J.; MAGNABOSCO, C.U.; ROSA, G.J.M.; LOBO, R.B.; ALBUQUERQUE, L.G. Características reprodutivas e suas associações com outras características de importância econômica na raça Nelore. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.64, n.1, p.91-100, 2012.

**CAPÍTULO II – Estimativas de parâmetros genéticos para produção de carne em bovinos da raça Tabapuã por Modelo de Regressão Aleatória**

## RESUMO

Foram utilizados 28.643 registros de pesos do nascimento aos 660 dias de idade de 6.471 animais da raça Tabapuã para estimar componentes de variância, covariância e parâmetros genéticos por meio de análises utilizando modelo de regressão aleatória. Nas análises de regressão aleatória utilizou-se o algoritmo de busca AIREML através do método da máxima verossimilhança restrita pelo programa computacional DFREML, considerando como funções base polinômios de Legendre. Os modelos incluíram: como aleatórios, os efeitos genético aditivo direto, materno, de ambiente permanente de animal e materno; como fixos, os efeitos de grupo de contemporâneos; como covariáveis, a idade do animal à pesagem e a idade da vaca ao parto (linear e quadrática); e sobre a idade à pesagem, polinômio ortogonal de Legendre (regressão cúbica) foi considerado para modelar a curva média da população. O resíduo foi modelado considerando sete classes de variância e os modelos foram comparados pelos critérios de informação Bayesiano de Schwarz e Akaike. O modelo utilizado apresentou ordens 4, 5, 2, 3 para os efeitos genético aditivo direto e materno, de ambiente permanente de animal e materno, respectivamente. As médias dos pesos aumentaram linearmente desde o nascimento até os 660 dias de idade variando de 70 quilos aos 120 dias a 650 quilos aos 660 dias. As estimativas de variância genética aditiva direta obtidas aumentaram com a idade de 44 kg<sup>2</sup> a 52 kg<sup>2</sup> aos 79 dias de idade e 207 kg<sup>2</sup> a 264 kg<sup>2</sup> aos 540 dias de idade. As estimativas de herdabilidade para o efeito aditivo direto mostram o decréscimo da herdabilidade do nascimento até a desmama (0,48) até (0,27), enquanto que as estimativas de herdabilidade materna apresentaram aumento do nascimento (0,38) até a desmama (0,50) decrescendo nas idades seguintes até (0,17) aos 660 dias de idade. As correlações genéticas direta variaram de moderadas a altas, diminuindo conforme o aumento da distancia entre as idades. O modelo de regressão aleatória utilizado mostrou-se adequado para descrever as mudanças nas variâncias dos pesos de bovinos da raça Tabapuã no Estado da Bahia.

**Palavras – chave:** bovinos de corte, eficiência produtiva, herdabilidade, modelo animal, polinômios de Legendre, seleção

## ABSTRACT

Were used 28,643 records of birth weights at 660 days of age of 6,471 animals Tabapuã to estimate components of variance, covariance and genetic parameters through analysis using random regression model. In random regression analyzes used the AIREML search algorithm by the method of restricted maximum likelihood using the software DFREML, considering how polynomial basis functions of Legendre. The models included: as random, the direct additive genetic effects, maternal, permanent animal and maternal environment; as fixed, the contemporary group effects; as covariates, the age of the animal weighing and the age of the cow at calving (linear and quadratic); and the age-weighting, orthogonal polynomial of Legendre (cubic regression) was considered to model the mean curve of the population. The residue was modeled considering seven classes of variance and the models were compared by Bayesian information criteria of Schwarz and Akaike. The model presented orders 4, 5, 2, 3 for the direct additive genetic effects and maternal, permanent environmental and maternal animal respectively. The average weight increased linearly from birth to 660 days of age ranging from 70 kilograms to 120 days from 650 kilograms to 660 days. Estimates of direct additive variance obtained increased with age from 44 to 52 kg<sup>2</sup> kg<sup>2</sup> to 79 days of age and 207 to 264 kg<sup>2</sup> kg<sup>2</sup> at 540 days of age. Heritability estimates for direct additive effect show a decrease in heritability birth until weaning (0.48) to (0.27), while the estimates of maternal heritability showed increased birth (0.38) until weaning (0.50) decreased until the following ages (0.17) at 660 days of age. The direct genetic correlations ranged from moderate to high, decreasing with increasing distance between ages. The random regression model used was adequate to describe changes in the variances weights of Tabapuã cattle in the state of Bahia.

**Key-words:** beef cattle, production efficiency, heritability, animal model, Legendre polynomials, selection

## INTRODUÇÃO

A produção bovina brasileira passa por um processo de modernização motivado pela necessidade de aumento da sua eficiência, visto que a introdução e a procura por outras carnes, além da exigência de produzir atendendo a sustentabilidade ambiental, ampliou a competitividade do mercado (AMARAL et al., 2014).

O Brasil possui aproximadamente 208 milhões de cabeças de bovinos, sendo a pecuária bovina de corte uma atividade de fundamental importância no agronegócio, com PIB de aproximadamente 16 bilhões de dólares e envolvimento de 7,0 milhões de pessoas em toda sua cadeia produtiva (IBGE, 2014). Em termos mundiais a pecuária bovina brasileira destaca-se não somente pela grandeza de sua população, mas, sobretudo, pela sua inesgotável potencialidade de crescimento que, com políticas corretas, em curto prazo, tornarão o Brasil um celeiro de produção de proteínas de origem bovina (MALHADO et al., 2010).

A região Nordeste é detentora de 28.245.689 animais, correspondendo a 13,4% do efetivo total brasileiro ficando atrás em efetivo bovino das regiões Centro Oeste, Norte e Sudeste (IBGE, 2014). Apesar do expressivo número de bovinos nesta região, a pecuária é baseada em animais zebuínos puros ou mestiços criados a pasto, apresentando índices produtivos baixos, o que pode ser devido a falta de programas de melhoramento abrangentes.

A Bahia possui o maior rebanho bovino da região Nordeste, destacando-se regional e nacionalmente pelo seu significativo efetivo de animais e, seguindo a mesma tendência nacional de busca pela qualidade de seus rebanhos, tem investido cada vez mais em novas tecnologias, para o avanço da sua cadeia produtiva (GUSMÃO et al., 2009).

A raça Tabapuã é considerada como uma das melhores para produção de carne em menor tempo, além disso, são animais que apresentam um excelente ganho em peso, extrema docilidade, fertilidade, precocidade reprodutiva, boa conformação e excelente habilidade materna.

Nos últimos anos, as funções de covariâncias e os modelos de regressão aleatória têm sido propostos como uma alternativa para modelar características que são medidas repetidamente na vida dos animais, as denominadas características repetidas ou dados longitudinais, como por exemplo o peso medido em diferentes idades (MALHADO et al., 2008).

A utilização de métodos que consigam incorporar toda a informação de um animal, que permitam estimar mais acuradamente os fatores de ambiente e que possibilitem utilizar dados observados, em substituição aos estimados, com vistas a incrementar a acurácia e as possibilidades de seleção e melhoramento genético, é uma estratégia poderosa, particularmente facilitada pelos avanços ocorridos na área da informática (SARMENTO et al., 2010).

Sendo assim a utilização de uma variável resposta de dimensão finita (por exemplo, peso vivo de um animal ajustado a uma idade padrão) em comparação com as variáveis originalmente repetidas ao longo do tempo (dimensão infinita, por exemplo, pesos em diferentes idades), a partir da qual se estima a variável de dimensão finita, tem sido questionada nas últimas décadas (ALBUQUERQUE e FARO, 2008).

A modelagem de variáveis de crescimento visando à obtenção de valores genéticos e posterior seleção de animais pode ser realizada utilizando modelos de regressão aleatória. Os modelos de regressão aleatória permitem a obtenção de curvas individuais de crescimento que consideram as variâncias genéticas e residuais ao longo do tempo, portanto, é possível a estimação de parâmetros genéticos e efeitos ambientais em cada uma das idades mensuradas eliminando os pré ajustes nos dados por trabalhar com todas as pesagens disponíveis, com covariâncias adequadas, mediante a determinação de coeficientes de regressão para estes efeitos (SOUSA JÚNIOR et al., 2010).

Por isso os modelos de regressão aleatória tem sido reconhecidos como ideias para análise de características longitudinais no melhoramento animal da bovinocultura de corte.

Desta forma objetivou-se utilizar um modelo de regressão aleatória, ajustado por funções polinomiais de Legendre, para estimar os componentes de variância e covariância, utilizando-se heterogeneidade de variância residual da curva de crescimento de bovinos da raça Tabapuã criados no Estado da Bahia.

## MATERIAL E MÉTODOS

As características estudadas foram os pesos às várias idades consideradas como medidas repetidas de um mesmo animal. Os dados foram obtidos junto a Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), referentes a animais da raça Tabapuã, nascidos no período de 1975 a 2001, criados no Estado da Bahia. O arquivo inicial constava com 42.802 registros de pesos de 8.458 animais da raça Tabapuã mensurados ao nascimento e, em média, a cada 90 dias, até os 660 dias de idade.

A descrição do arquivo de dados utilizado após a sua edição é apresentada na Tabela 1. As estatísticas descritivas foram obtidas por meio de procedimentos do programa SAS (Statistical Analysis System, versão 9.1). Portanto, a preparação, formatação e descrição dos dados, foram realizadas com rotinas no programa SAS, verificando restrições, limitações e a consistência das informações. Após as limitações e restrições impostas no banco de dados restaram 28.643 informações de pesagens do arquivo inicial que foram considerados para análise de regressão aleatória.

**Tabela 1** – Estrutura do arquivo de dados

<b>Análise dos dados</b>	<b>Números</b>
Total de registros	28.643
Animais na matriz de parentesco	10.346
Animais com registros	6.471
Animais com 3 observações	1302
Animais com 4 observações	1199
Animais com 5 observações	1129
Animais com 6 observações	1335
Animais com 7 observações	1186
Animais com 8 observações	320
Touros	167
Vacas	3707
Grupos de contemporâneos	1473

Foram considerados nas análises, os animais com pai e mãe conhecidos, os grupos contemporâneos com mais de oito animais, filhos de vacas com mais de dois anos de idade e intervalos de parto maior que nove meses, sob um sistema de criação



extensivo exclusivamente a pasto. O grupo de contemporâneos (GC) foi composto por: sexo, mês e ano de nascimento, mês e ano de pesagem, fazenda e condição de criação. Duas condições de criação foram consideradas: animais desmamados ou mamando sem ordenha. Aplicou-se a restrição de que cada grupo de contemporâneo deveria conter, no mínimo oito animais, totalizando a formação de 1473 grupos de contemporâneos. Foram excluídos registros de pesos fora dos intervalos dados pela média do grupo de contemporâneos mais ou menos três desvios-padrão.

Como a idade variou do nascimento até os 660 dias de idade e os animais foram pesados a cada 90 dias, o número de pesos de animais em cada dia de idade era bem reduzido no início das pesagens. Para aumentar o número de pesos de animais a cada idade e facilitar as avaliações dos dados, formaram-se classes de idades. Entretanto, a idade inicial, ou seja, a primeira idade não foi considerada devido a grande variabilidade apresentada nos pesos dos animais a esta idade, portanto a idade inicial será a partir do quinto dia de vida, ou seja, primeira classe de idade. As idades seguintes foram formadas, tal como a inicial, a cada cinco dias até 560 dias, após esta idade as classes foram agrupadas a cada 10 dias de idade, até os 630 dias, e então se agrupou a última classe em 30 dias, ou seja, 660 dias de idade, obtendo-se uma distribuição mais homogênea entre classes de idades. O resultado foi a formação de um total de 118 classes de idades para se ter uma distribuição dos animais em cada idade mais condizente.

O modelo utilizado para analisar os dados de pesagens de animais da raça Tabapuã pela regressão aleatória foi o indicado como o mais adequado por Dias (2004). Portanto para o modelo de regressão aleatória com ordens de 4, 5, 2, 3, respectivamente para os efeitos genéticos aditivos direto e materno, ambiente permanente de animal e ambiente permanente materno ajustados por polinômio quártico, quintíco, quadrático e cúbico, respectivamente, sendo o resíduo modelado por função de variância de ordem quártica.

O modelo geral pode ser representado por:

$$y_{ij} = EF + \sum_{m=0}^{k_b-1} b_m \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_A-1} \alpha_{im} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_M-1} \gamma_{im} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_C-1} \delta_{im} \phi_m(t_{ij}) + \sum_{m=0}^{k_Q-1} \rho_{im} \phi_m(t_{ij}) + \varepsilon_{ij}$$

Onde:

$y_{ij}$  =  $j^{\text{ésima}}$  medida do  $i^{\text{ésimo}}$  animal,

$EF$  = conjunto de efeitos fixos,

$b_m$  =  $m^{\text{ésimo}}$  coeficiente de regressão do peso sobre a idade para a média da população (fixo),

$\alpha_{im}, \gamma_{im}, \delta_{im}, \rho_{im}$  =  $m^{\text{ésimo}}$  coeficiente de regressão genético aditivo, genético materno e de ambiente permanente do animal e materno, respectivamente, para o  $i^{\text{ésimo}}$  animal (aleatório),

$k_b, k_A, k_M, k_C$  e  $k_Q$  = ordem dos polinômios a serem ajustados,

$t_{ij}$  =  $j^{\text{ésima}}$  idade do  $i^{\text{ésimo}}$  animal,

$\phi_m(t_{ij})$  =  $m^{\text{ésima}}$  função polinomial a ser avaliada para  $t_{ij}$ .

$\varepsilon_{ij}$  = erro aleatório

As estimativas de herdabilidade ( $h^2$ ) e as correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente entre as pesagens foram estimadas pelo modelo de regressão aleatória, utilizando as funções de covariância modelada pelo polinômio ortogonal de Legendre, proposto por Kirkpatrick et al. (1990). Este modelo utilizou o algoritmo de busca AIREML (MEYER, 1997) através do método da máxima verossimilhança restrita pelo programa computacional DFREML 3.0 $\beta$  (MEYER, 1998c).

Em notação matricial, o modelo acima pode ser descrito como:

$$Y = X\beta + Z_1\alpha + Z_2\gamma + W_1\delta + W_2\lambda + \varepsilon, e$$

$$v \begin{bmatrix} \alpha \\ \gamma \\ \delta \\ \lambda \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} K_a \otimes A & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & K_m \otimes A & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & K_c \otimes I & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & K_q \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

Onde:

$Y$  é o vetor de observações;

$\beta$  o vetor de efeitos fixos (incluindo  $F_{ij}$  e  $\beta_m$ );

$\alpha$  o vetor aleatório dos coeficientes genéticos aditivos diretos;

$\gamma$  o vetor aleatório dos coeficientes genéticos aditivos maternos;

$\delta$  o vetor de coeficientes de ambiente permanente de animal;

$\lambda$  o vetor de coeficiente de ambiente permanente materno;

$X, Z1, Z2, W1, W2$  são as matrizes de incidência correspondentes;

$\varepsilon$  o vetor de resíduos;

$K_a, K_m, K_c$  e  $K_q$  são as matrizes de variâncias e covariâncias entre os coeficientes de regressão aleatórios para os efeitos genéticos aditivos direto e materno e de ambiente permanente do animal e materno, respectivamente;

$R$  é a matriz de variâncias residuais;

$A$  é a matriz do numerador do coeficiente de parentesco aditivo;

$I$  matriz identidade.

Para os modelos de regressão aleatória, utilizou-se a função dos polinômios ortogonais de Legendre ( $\phi_k$ ), representados da seguinte maneira:

$$\phi_k(a^*) = \frac{1}{2} \sqrt{\frac{2k+1}{2}} \sum_{m=0}^{[k/2]} (-1)^m \binom{k}{m} \binom{2k-2m}{k} (a^*)^{k-2m}$$

Onde:

$a^*$  são as idades ajustadas para a amplitude em que o polinômio é definido [+1 a -1], e [ ] indica que os valores da fração são arredondados para baixo, assumindo o valor inteiro mais próximo.

Com relação ao resíduo este foi modelado como homogêneo ou heterogêneo. Neste caso foi utilizada função de variância residual quártica, mantendo a ordem das funções de covariância para os efeitos genéticos direto ( $K_A$ ) e materno, ( $K_m$ ), e ambiente permanente materno ( $K_q$ ) e de animal ( $K_c$ ) iguais a quatro (função de covariância cúbica).

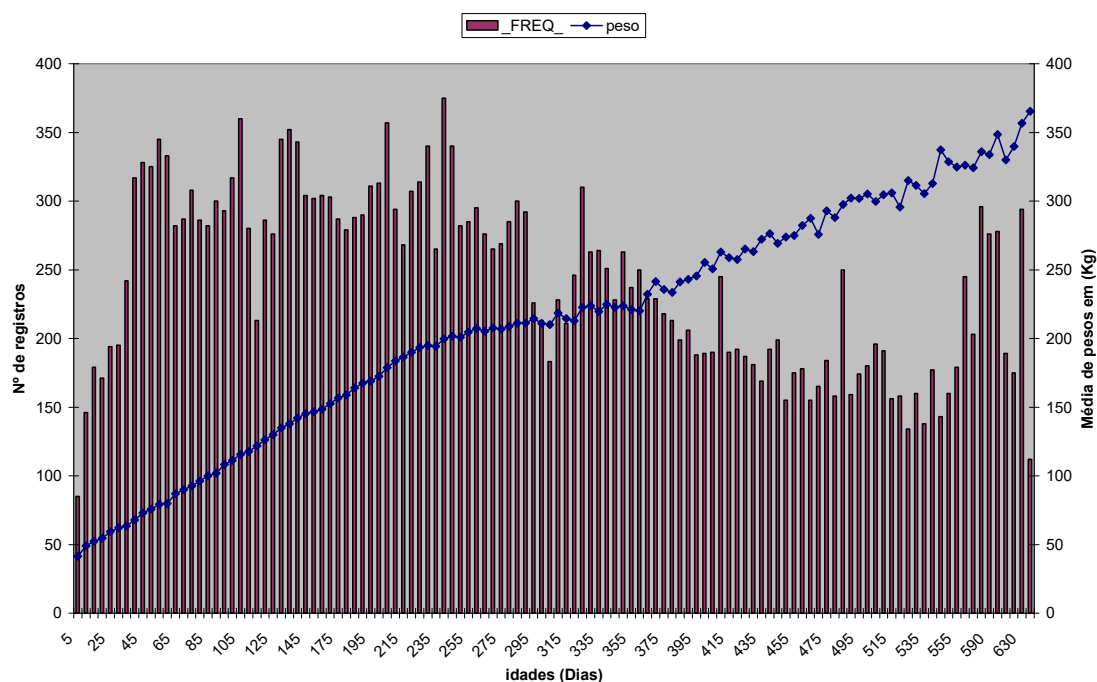
A comparação entre os modelos foi realizada por meio do Critério de Informação Akaike (AIC), Critério de Informação Bayesiano de Schwarz (BIC) que permitem a comparação de modelos não aninhados e penaliza modelos mais parametrizados, sendo o BIC o mais rigoroso, ou seja, o que favorece modelos mais parcimoniosos (WOLFINGER, 1993; NUNEZ-ANTÓN & ZIMMERMAN, 2000).

Os critérios AIC e BIC foram obtidos por:  $AIC = 2\log L + 2p$  e  $BIC = 2\log L + p \log(N - r)$  em que:  $p$  é o número de parâmetros do modelo,  $N$  é o total de observações e  $r$  é o posto da matriz (matriz de incidência para os efeitos fixos). Menores valores de AIC e BIC e maiores para o Log L indicam modelos mais adequados.

Foi testado o modelo indicado por Dias (2004) como ideal para ajustar funções polinomiais de bovinos da raça Tabapuã. A ordem do polinômio para cada efeito aleatório foi diminuída de acordo com as estimativas de variância dos coeficientes de regressão aleatória e os autovalores relacionados, pois baixas estimativas de variância e autovalores muito pequenos indicam pouca variação do determinado coeficiente.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises descritivas para os dados analisados de massa corporal as várias idades estão representados na Figura 1, que apresenta o número de registros e as médias de pesos em kg, pode-se observar uma maior concentração de registros nas idades iniciais da vida dos animais. As médias dos pesos aumentaram linearmente desde o nascimento até os 660 dias de idade variando de 25 a 365 kgs, respectivamente. O peso apresentou aumento praticamente linear com a idade do animal até a desmama, mas após este período houve pequena redução na taxa de ganho de peso. Os desvios-padrão também apresentaram tendência de aumento de acordo com a idade. Tanto as médias quanto os desvios padrão aumentaram quase que linearmente com a idade do animal, apresentando uma diminuição da intensidade de crescimento após um ano de vida. Portanto, observa-se uma tendência do peso continuar aumentando até próximo aos dois anos de idade dos animais.



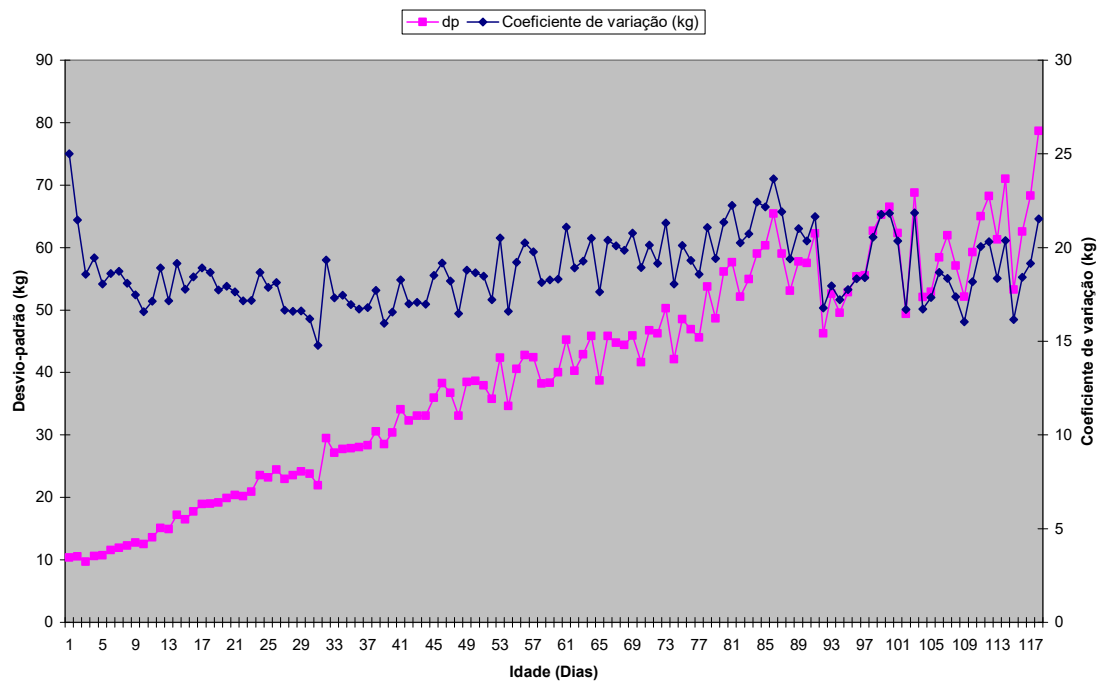
**Figura 1** – Distribuição do número de registros (barras) em média de pesos em kgs (linha), de acordo com as idades em dias de animais da raça Tabapuã.

Barbosa et al. (2014) encontraram média de peso à desmama em bovinos Tabapuã no Estado da Bahia de 212,80 kg, semelhante ao observado neste estudo.

Resultados parecidos a este estudo foram encontrados por Dias et al. (2005) e Dias et al. (2006) para a raça Tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória. Dias et al. (2005) observaram aumento linear do peso de acordo com a idade do animal até a desmama (em torno de 240 dias) e, após este período, pequena redução na taxa de ganho de peso, o desvio-padrão também apresentou tendência de crescimento variando de 3,55 kg ao nascimento a 57,25 kg aos 570 dias de idade. Dias et al. (2006) encontraram resultados semelhantes a este estudo com aumento linear da médias de peso do nascimento aos 550 dias de idade, variando de 31,40 Kg a 324,23 Kg, respectivamente, assim como as médias de peso, os desvio-padrão também apresentaram tendência de aumento com a idade e os coeficientes de variação aumentaram do nascimento até cerca de 50 dias e, após esta idade, houve reduzida diminuição do coeficiente de variação. Observa-se que em comparação com o estudo de Dias et al (2006), os animais nasceram mais leves. Ribeiro et al. (2009) encontraram médias de peso de bovinos Tabapuã variando de 30,83 kg ao nascimento 281,25 kg aos 550 dias de idade.

Na Figura 2 observam-se as variações do desvio-padrão em kg e do coeficiente de variação em porcentagem. O coeficiente de variação apresentou-se constante até próximo à idade de um ano de vida tendendo a aumentar a variação entre as médias a partir desta idade, o desvio padrão foi aumentando de acordo com a idade do animal já que a média também foi aumentando. Todos os animais utilizados nestas análises foram pesados ao nascer (6.471), porém a média de peso e o número de registros para esta idade não foram apresentados com o intuito de evitar problemas de escala.

Para o modelo de regressão aleatória considerado depois da realização das análises, todos os critérios estudados indicaram à necessidade de se considerar a heterogeneidade de variância, o aumento da ordem da função de variância residual de linear para quadrática resultou em um aumento significativo do Log L e na diminuição dos critérios AIC e BIC. O modelo utilizado, portanto, foi  $k= 4, 5, 2, 3$ , para o efeito genético direto, efeito de ambiente permanente de animal e segundo efeito de animal (ambiente permanente materno e genético materno), respectivamente, com função de variância residual de ordem quártica por ser o mais parcimonioso. Este modelo possui 44 parâmetros, com os critérios Log L (-4485,35), AIC (29.525) e BIC (29.558).

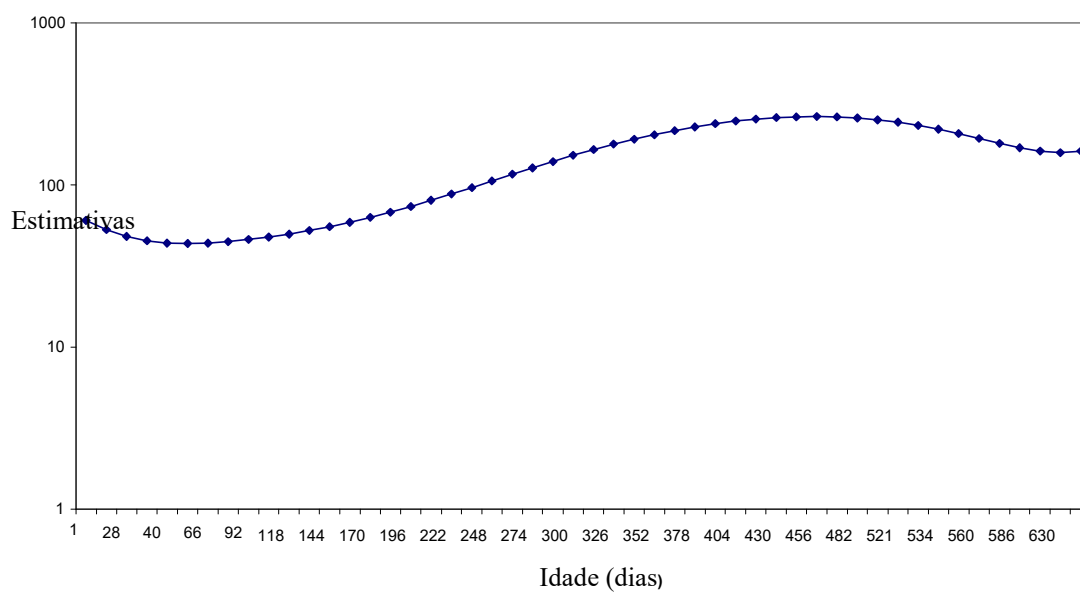


**Figura 2** – Desvio-padrão (linha clara) em kg e coeficiente de variação em % (linha escura), de acordo com as idades em dias dos animais da raça Tabapuã.

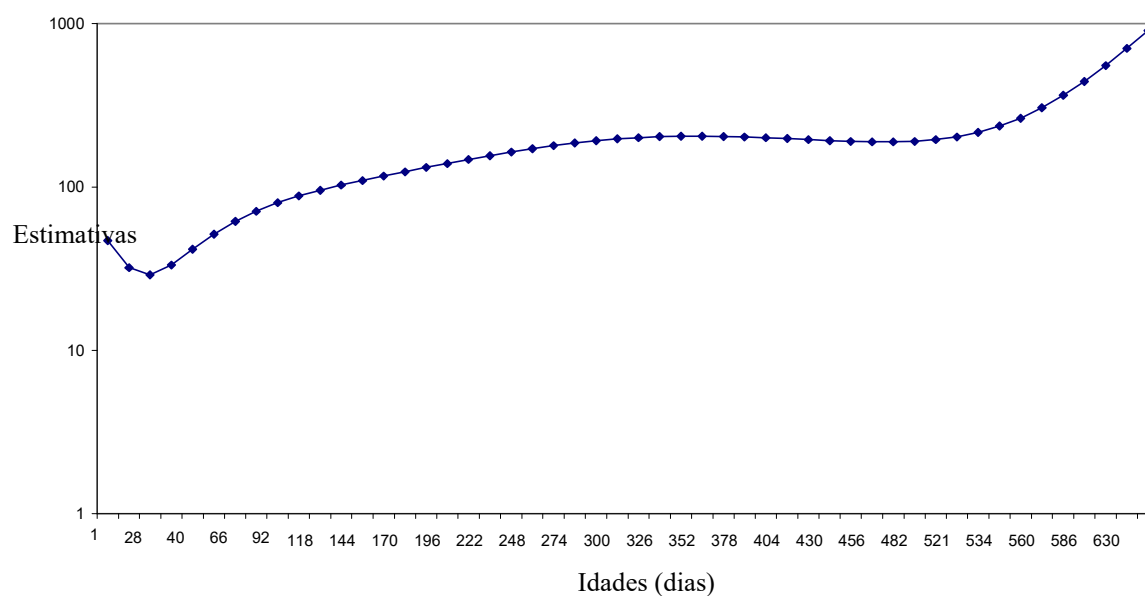
Geralmente, espera-se que os modelos mais parcimoniosos apresentem menores valores do Log L, no entanto não foi o que se observou no estudo, provavelmente devido a problemas de convergência.

As variâncias genética aditiva direta, de ambiente permanente de animal, variância fenotípica, genética materna e de ambiente permanente materno para análise com modelo de regressão aleatória, estão apresentadas nas Figuras 3, 4, 5, 6 e 7, respectivamente.

As estimativas de variância genética aditiva direta (Figura 3) obtidas aumentaram com a idade de 44 kg<sup>2</sup> a 52 kg<sup>2</sup> aos 79 dias de idade e 207 kg<sup>2</sup> a 264 kg<sup>2</sup> aos 550 dias de idade. Resultado similar foi observado por Dias et al. (2006) em estudo para estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando-se modelos de regressão aleatória, onde os valores aumentaram com a idade de 2,2,58 kg<sup>2</sup> ao nascimento a 224,41 kg<sup>2</sup> aos 550 dias de idade.

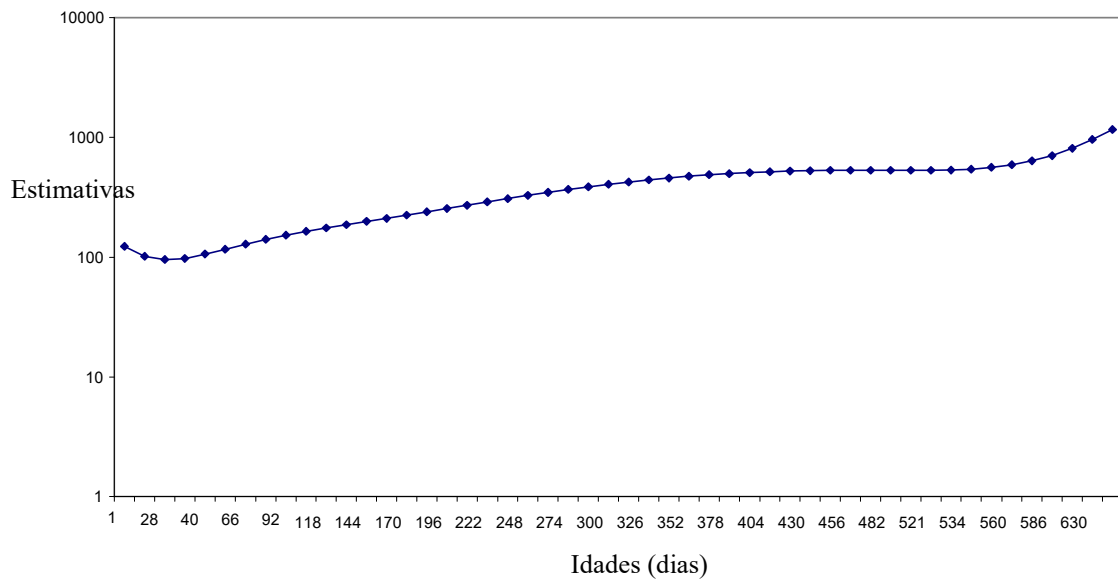


**Figura 3** – Estimativa dos componentes de variância genética aditiva direta entre as idades nos dados de características de crescimento de animais da raça Tabapuã por modelo de regressão aleatória.

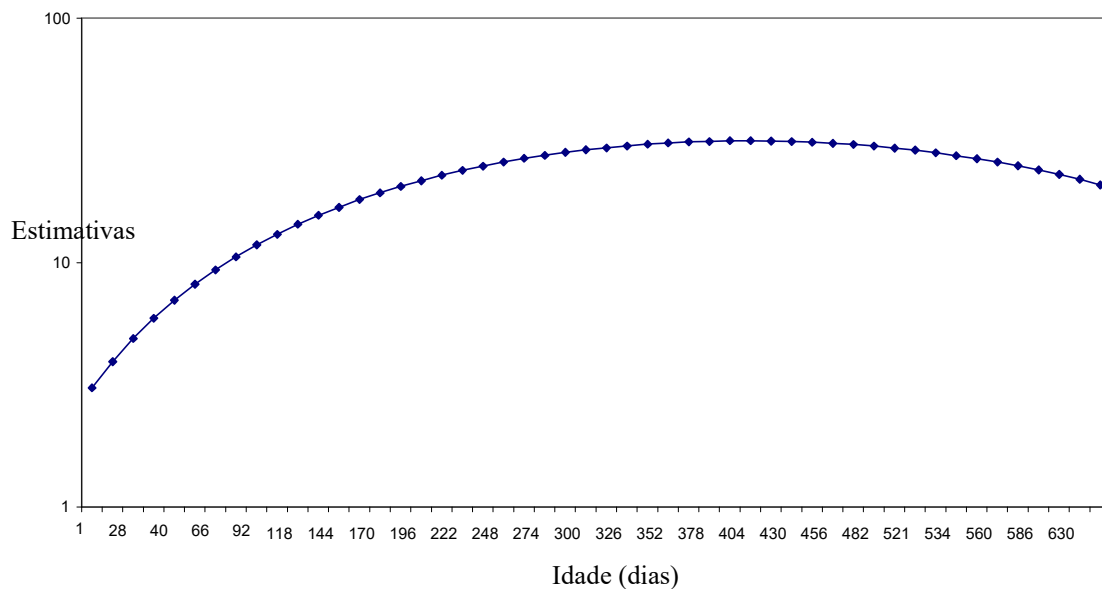


**Figura 4** – Estimativa dos componentes de variância de ambiente permanente de animal entre as idades nos dados de características de crescimento de animais da raça Tabapuã por modelo de regressão aleatória.

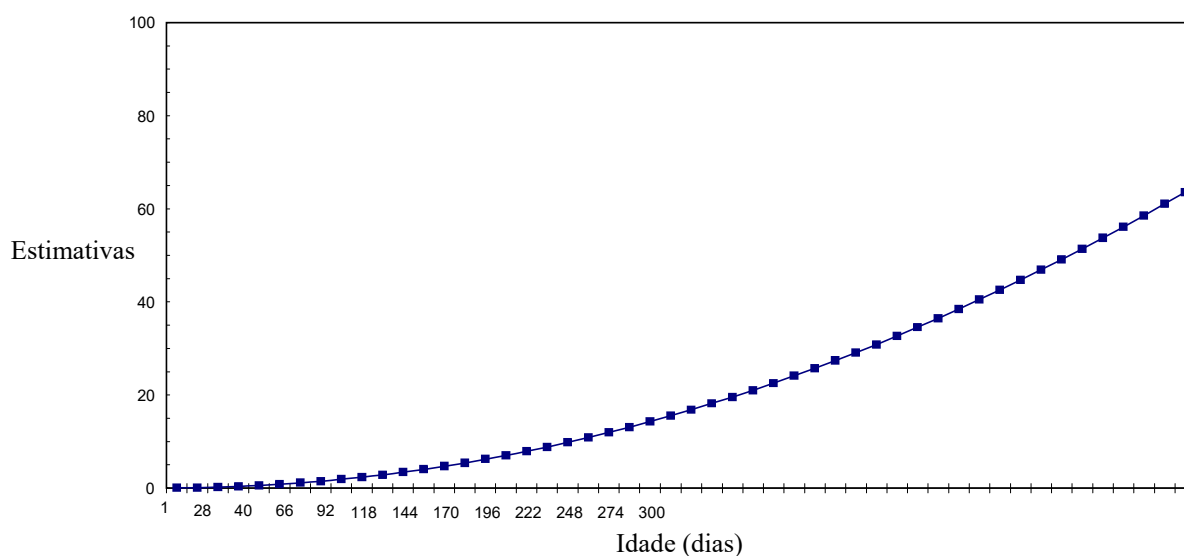




**Figura 5** - Estimativa dos componentes de variância fenotípica entre as idades nos dados de características de crescimento de animais da raça Tabapuã por modelo de regressão aleatória.



**Figura 6** – Estimativa dos componentes de variância genética materna entre as idades nos dados de características de crescimento de animais da raça Tabapuã por modelo de regressão aleatória.



**Figura 7** – Estimativa dos componentes de variância de ambiente permanente materno entre as idades nos dados de características de crescimento de animais da raça Tabapuã por modelo de regressão aleatória.

As estimativas de variância genética aditiva direta e materna, de ambiente permanente de animal e materna apresentaram tendência de crescimento à medida que aumentou a idade dos animais.

Nas estimativas de ambiente permanente de animal (Figura 4), observou-se o aumento das estimativas de variância em função da idade, sendo mais acentuado aos 550 dias de idade. Dias et al. (2006) obteve um maior aumento das estimativas de variância em função da idade em animais da raça Tabapuã estudados até os 550 dias de idade. Este aumento observado na variância de ambiente permanente de animal refletiu nas estimativas de variância fenotípica. A partição do efeito direto em genético e de ambiente permanente de animal nas análises de regressão aleatória, em geral, exige ordens maiores dos polinômios para o efeito de ambiente permanente de animal, o que pode resultar em problemas de modelagem.

As estimativas de variância de ambiente permanente de animal, como proporção a variância fenotípica total, aumentaram levemente do nascimento (0,31) até os 50 dias de idade (0,51), e após esta idade, mantendo-se esta tendência até os 660 dias. Os resultados obtidos neste trabalho são semelhantes aos obtidos por Albuquerque e Meyer (2001) que também obtiveram rápido aumento da variância de ambiente permanente de

animal do nascimento aos 50 dias de idade e leve tendência de diminuição nas demais idades, diferindo deste trabalho após os 550 dias de idade, pois este apresenta logo após a leve tendência de queda um crescimento à medida que aumenta a idade dos animais.

As estimativas de variância genética materna (Figura 6) aumentaram do nascimento ( $4,0 \text{ kg}^2$ ) até próximo à época da desmama. Em seguida foi diminuindo, atingindo ( $26,6 \text{ kg}^2$ ) aos 550 dias de idade. Comportamento semelhante foi descrito por Dias et al. (2006) em análises uni-característica e com modelos de regressão aleatória na estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã.

As estimativas de variância de ambiente permanente materno (Figura 7) apresentaram aumento progressivamente do nascimento ( $0,05 \text{ kg}^2$ ) até os 660 dias de idade ( $63,5 \text{ kg}^2$ ). Resultado semelhante ao descrito por Dias et al. (2006). Estimativas de variância de ambiente permanente materno como proporção da variância fenotípica total, obtidas por regressão aleatória apresentaram um leve aumento com o passar da idade dos animais.

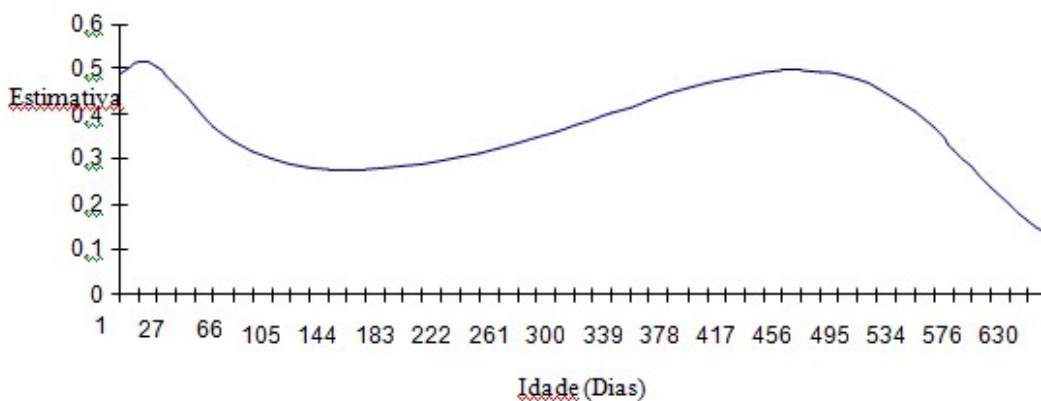
A herdabilidade para o efeito aditivo direto estimado em análise de regressão aleatória (Figura 8) mostra o decréscimo da herdabilidade do nascimento até a desmama ( $0,48$ ) até ( $0,27$ ) por volta dos 220 dias de idade e após esta idade apresentaram tendência de aumento e logo após decrescem atingindo ( $0,14$ ) aos 660 dias de idade.

Resultados semelhantes a este trabalho com modelo de regressão aleatória foram encontrados por Dias et al., (2005) que descreveram diminuição das estimativas de herdabilidade após o nascimento e aumento das estimativas após o período de desmame para peso de bovinos da raça Tabapuã. Estes autores observaram valores de herdabilidade direta de magnitude inferior aos encontrados nesta análise.

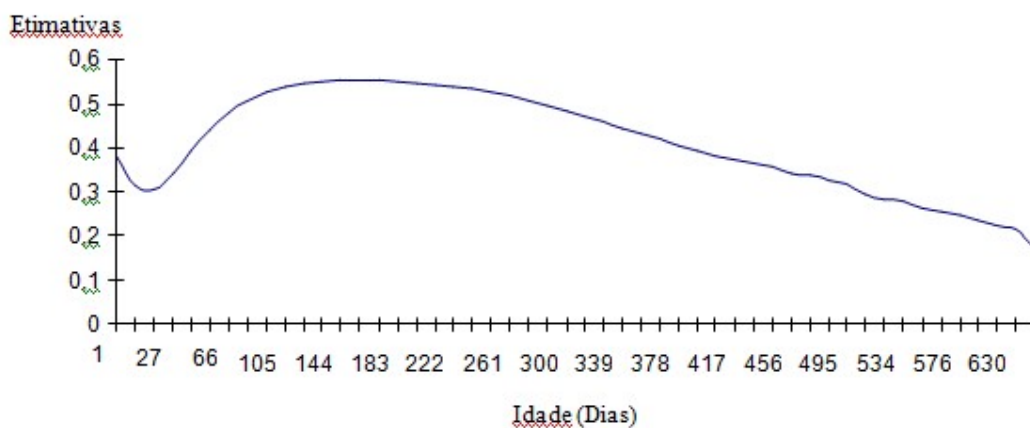
Resultados diferentes aos deste estudo em análises de regressão aleatória foram descritos por Sousa Júnior et al. (2010) com bovinos da raça Tabapuã que encontraram estimativas de herdabilidade direta com pequena tendência de queda do nascimento ( $0,15$ ) até os 20 dias ( $0,11$ ) e, após esta idade, tenderam a aumento, atingindo  $0,45$  aos 660 dias de idade.

Em geral, as herdabilidades diretas estimadas e a variância genética aditiva direta sugerem haver variabilidade genética suficiente para a obtenção de ganho genético mais acentuado se a seleção individual for realizada considerando pesos após à desmama, uma vez que, neste período será possível melhor identificação dos animais geneticamente superiores.

As estimativas de herdabilidade materna em análise com modelo de regressão aleatória (Figura 9) apresentaram aumento do nascimento (0,38) até a desmama (0,50) em torno de 220 dias de idade decrescendo nas idades seguintes até (0,17) aos 660 dias de idade.



**Figura 8** – Estimativa de herdabilidade direta de pesos as diversas idades de animais da raça Tabapuã por modelo de regressão aleatória



**Figura 9** – Estimativa de herdabilidade materna de pesos as diversas idades de animais da raça Tabapuã

As maiores estimativas de herdabilidade materna coincidiram com o período em que as herdabilidades diretas apresentaram estimativas inferiores até os 500 dias de idade, período este que a herdabilidade do efeito direto apresentou uma tendência de queda, talvez devido à convergência não totalmente alcançada para o modelo proposto. Os resultados obtidos com esta análise mostraram que os efeitos maternos começam a diminuir antes do período da desmama.

De acordo com Baldi et al. (2010) os efeitos maternos afetam o peso, inclusive após o desmame provavelmente pelo fato de que efeitos residuais permanecem após essa idade, afetando portanto o crescimento dos animais. Segundo Dias et al. (2005), a não inclusão dos efeitos maternos nos modelos de análise para peso a desmama ou a idade padrão de 240 dias pode fazer com que parte da variância genética materna seja incluída na variância do efeito genético direto, resultando na superestimação desse efeito.

As correlações genéticas e fenotípicas para peso do nascimento aos 660 dias de idade são apresentadas na Tabela 2.

No geral, observa-se diminuição das correlações à medida que aumenta o distanciamento entre as pesagens.

**Tabela 2** – Estimativas de correlações genética (abaixo da diagonal) e fenotípica (acima da diagonal) para pesos do nascimento aos 660 dias de idade em animais da raça Tabapuã

<b>Característica</b>	<b>PN</b>	<b>P240</b>	<b>P365</b>	<b>P540</b>	<b>P660</b>
<b>PN</b>	-	0,75	0,73	0,64	0,60
<b>P240</b>	0,25	-	0,94	0,85	0,84
<b>P365</b>	0,45	0,79	-	0,95	0,93
<b>P540</b>	0,38	0,69	0,81	-	0,99
<b>P660</b>	0,35	0,67	0,77	0,89	-

As correlações fenotípicas apresentaram diminuição conforme o distanciamento das idades. As correlações entre todas as idades e o peso ao nascimento foram baixas do nascimento até os 190 dias de idade ou classe de número 37, no entanto apresentou diferenças com o aumento das idades, sendo 0,75, 0,73, 0,60, entre o peso ao nascer e 240 dias, aos 365 dias e aos 660 dias de idade que correspondem às classes de números 49, 72 e 118, respectivamente. Resultado semelhante foi descrito por Dias et al. (2006)

que encontraram estimativas de correlações fenotípicas que diminuíram conforme as idades se distanciavam.

As correlações estimadas entre os pesos nas idades padrão (240, 365, 540 e 660 dias de idade) foram maiores, chegando a 0,94 no período de 240 e 365 dias de idade, a 0,85 entre 240 e 540 dias de idade a 0,84 entre 240 e 660 dias de idade. Sousa Júnior et al. (2010) também encontraram altos valores de correlações fenotípicas em bovinos da raça Tabapuã no Estado da Bahia.

As estimativas de correlação genética aditiva direta entre o peso ao nascimento e as demais idades, foram, em geral, crescentes até um torno das classes 45 a 49 e diminuíram com o aumento da distância entre as idades. As correlações entre o peso ao nascer e as idades padrão foram moderadas, sendo 0,25; 0,45; 0,38 e 0,35 entre peso ao nascer e peso a desmama e 365, 540 a 660 dias de idade, respectivamente.

Resultados semelhantes foram observados por Sousa Júnior et al. (2010) que obtiveram estimativas de correlações genéticas estimadas entre o peso ao nascer e os pesos até os 365 dias de idade positivas, de moderadas a altas magnitudes, com tendência de diminuição após esse período. Portanto, a seleção com base nos pesos obtidos em idades jovens pode levar a aumento do peso ao nascimento e a seleção para maiores pesos em qualquer idade deve alterar os demais pesos no mesmo sentido.

As correlações genéticas estimadas entre os pesos da desmama aos 660 dias de idade foram altas e positivas e indicam que a maior parte dos genes responsáveis por maiores pesos nesse período são os mesmos.

Para animais da raça Nelore, Albuquerque e El Faro (2008) relataram correlações genéticas superiores entre pesos obtidos do nascimento aos 540 dias de idade. Esses mesmos autores descreveram correlações genéticas de 0,87 e 0,75 entre peso à desmama e peso aos 365 e 540 dias de idade, respectivamente, e 0,98 entre peso aos 365 e 540 dias de idade.

De acordo com Sousa Júnior et al. (2010) a seleção para peso pode ser mais eficiente com base nos pesos após a desmama, no entanto, quanto mais tarde a seleção for realizada, maior será a correlação com o peso adulto e animais com pesos adultos

Segundo Dias et al. (2006) as estimativas de parâmetros genéticos podem ser influenciadas pelo modelo de regressão adotado. A partição dos efeitos aleatórios separando os efeitos genéticos e de ambiente em direto e materno é essencial para modelar as mudanças que ocorrem de maneira adequada. A modelagem do resíduo e a

ordem do ajuste dos polinômios podem interferir na estimação dos componentes de variância.

Considerar estruturas heterogêneas de variância residual é mais adequado para ajustar dados longitudinais. Assumir homogeneidade de variância significa que o ambiente temporário afeta igualmente todas as idades, o que nem sempre ocorre, além de que grande parte da variação residual pode contaminar a variância de ambiente permanente de animal. Quanto as ordens de ajuste dos polinômios alguns estudos comprovaram que considerar altas ordens de ajuste aumenta a flexibilidade da curva, mas também eleva os requerimentos computacionais, a dificuldade de convergência e os problemas amostrais.

O modelo utilizado no presente trabalho considera os efeitos genéticos aditivos direto e materno, ambiente permanente de animal e materno ajustados por polinômios cúbicos, quadráticos, quártico e linear, respectivamente, sendo o resíduo modelado por função de variância de ordem quártica.

De acordo com Albuquerque e Faro et al. (2008) um aspecto importante a ser considerado em avaliações genéticas de um grande número de animais, como programas de avaliação nacionais, são os requerimentos computacionais. Empregando-se modelos de regressão aleatória, em vez de modelos multicaracterísticos, haverá aumento no número de equações de modelos mistos, a matriz de coeficientes dos efeitos aleatórios será mais densa e, conseqüentemente, os requerimentos computacionais irão aumentar. Em trabalhos com gado de corte, a modelagem das mudanças das variâncias de ambiente permanente com a idade tem exigido o emprego de polinômios de ordem mais alta que para os demais efeitos.

## CONCLUSÃO

O modelo de regressão aleatória utilizado nesta análise mostrou-se adequado para descrever as mudanças que ocorreram nas variâncias para a curva de crescimento de bovinos, do nascimento aos 660 dias de idade, da raça Tabapuã criados no estado da Bahia.

Os resultados obtidos indicam a possibilidade de alcançar maior resposta à seleção individual para os pesos após a desmama, haja vista que as estimativas de variância genética aditiva direta e de herdabilidade foram maiores neste período, possibilitando melhor identificação de animais geneticamente superiores.

A seleção baseada nos pesos pré desmama poderá resultar em maior resposta para habilidade materna e, conseqüentemente poderá haver aumento na produção de leite das fêmeas.

As correlações genéticas obtidas no presente estudo sugerem que a seleção para maiores pesos em qualquer idade irá promover ganho nos pesos do nascimento aos 660 dias de idade.



## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALBUQUERQUE, L. G.; FARO, L. E. Comparações entre os valores genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Nelore preditos com modelos de dimensão finita ou infinita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 2, p. 238-246, 2008.
- AMARAL, R. S.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R.; AMBROSINI, D. P.; MALHADO, C. H. M. Tendências, parâmetros fenotípicos e genéticos de características de crescimento em bovinos Nelore mocho do Nordeste brasileiro. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 15, n.2, p. 261-271, 2014.
- BALDI, F.; ALENCAR, M. M.; ALBUQUERQUE, L. G. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchim utilizando modelos de dimensão finita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n.11, p. 2409-2417, 2010.
- BARBOSA, F. A.; BORGES, D. N.; CABRAL FILHO, S. L. S.; GRAÇA, D. S.; ANDRADE, V. J.; SOUZA, C. E.; LEÃO, J. M.; MANDARINO, R. A. Desempenho de bovinos Tabapuã e seus cruzados em pastagens de braquiaria no Estado da Bahia. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 66, n. 1, p. 253-258, 2014.
- DIAS, L. T. **Modelos de regressão aleatória para características de crescimento em bovinos da raça Tabapuã**. 2004. 59f. Tese (Doutorado em Zootecnia). Universidade Estadual de São Paulo, São Paulo.
- DIAS, L. T.; ALBUQUERQUE, L. G.; TONHATI, H.; TEIXEIRA, R. A. Estimação de parâmetros genéticos para peso em diferentes idades para animais da raça tabapuã. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n. 6, p. 1914-1919, 2005.
- DIAS, L. T.; ALBUQUERQUE, L. G. T. H.; TEIXEIRA, R. A. Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, n. 5, p. 1915-1925, 2006.
- GUSMÃO, F. B.; MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R. Tendências genéticas, fenotípicas e ambientais para D160 e D240 em bovinos Nelore no Estado da Bahia. **Revista Ciência Agronômica**, v. 40, n.2, p. 301-305, 2009.
- IBGE, Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produção da pecuária municipal**. v.38, p. 1-65, Rio de Janeiro, 2014.

MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R.; AZEVEDO, D. M. M. R.; AFFONSO, P. R. A. M.; SOUZA, J. C. Correlações genéticas entre características de crescimento e parâmetros genéticos da curva em bovinos da raça Nelore. **Revista Científica de Produção Animal**, v. 10, n.2, p. 102-111, 2008.

MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L.S.; MALHADO, A. C. M.; MARTINS FILHO, R.; BOZZI, R.; LADLE, R. J. L. Genetic improvement and population structure of the Nelore breed in Northern Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 10, p. 1109-1116, 2010.

SARMENTO, J. L. R.; TORRES, R. A.; LOBO, R. N. B.; ALBUQUERQUE, L . G.; SOUSA, W. H.; SOUSA, J. E. R. Modelos de regressão aleatória na avaliação genética do crescimento de ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 8, p. 1723-1732, 2010.

SOUSA JÚNIOR, S. C.; OLIVEIRA, S. M. P.; ALBUQUERQUE, L .G.; BOLIGON, A. A.; MARTINS FILHO, R. Estimação de funções de covariância para características de crescimento da raça tabapuã utilizando modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 5, p. 1037-1045, 2010.

SOUSA JÚNIOR, S. C.; BOLIGON, A. A.; SANTOS, D. O.; ALBUQUERQUE, L. G.; OLIVEIRA, S. M. P. Estimativas de herdabilidades e correlações genéticas para características de crescimento da raça Tabapuã utilizando modelo de Regressão Aleatória. **Revista Científica de Produção Animal**, v. 12, n. 2, p. 154-157, 2010.

**CAPÍTULO III – Estimativas de parâmetros genéticos para produção de carne em bovinos da raça Tabapuã por modelos de dimensão finita**

## RESUMO

Foram utilizados 23.987 registros de pesos padronizados aos 120, 240, 365, 540 e 670 dias de idade de bovinos da raça Tabapuã criados no Estado da Bahia com o objetivo de estimar os componentes de variância, covariância e parâmetros genéticos por meio de análises uni e bicaracterística. As análises uni e bi-característica foram obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita, utilizando-se o software MTDFREML. O modelo estatístico incluiu como efeitos aleatórios os efeitos genético aditivo direto e residual e também os efeitos maternos e de ambiente permanente materno para P120 e P240 dias. Os efeitos fixos considerados foram o grupo de contemporâneo e as covariáveis efeito linear e quadrático da idade do animal a pesagem e idade da vaca ao parto. O resíduo foi modelado por funções de variância de ordem quíntica. As médias e desvios-padrão foram de  $120,02 \pm 27,30$ ;  $192,95 \pm 37,41$ ;  $231,55 \pm 47,52$ ;  $312,37 \pm 62,46$  e  $347,52 \pm 66,54$  respectivamente para peso aos 120, 240, 365, 540 e 670 dias de idade. As estimativas de herdabilidade direta em análise unicaracterística foram de média a alta magnitude, sendo de 0,22; 0,27; 0,22; 0,47 e 0,40 para pesos aos 120, 240, 365, 540 e 670 dias de idade respectivamente. Para as análises bi-características as estimativas de herdabilidade direta foram de altas magnitudes, sendo de 0,38; 0,77; 0,85; 0,82 e 0,67 respectivamente para pesos aos 120, 240, 365, 540 e 670 dias de idade. Observa-se aumento no decorrer do crescimento do animal e um decréscimo a partir dos 540 dias de idade. As estimativas de herdabilidade direta obtidas nas análises bicaracterísticas foram superiores em relação aquelas obtidas nas análises unicaracterísticas. As correlações genéticas variaram de moderadas a altas, diminuindo conforme o aumento da distancia entre as idades. As análises bicaracterísticas forneceram maiores estimativas de herdabilidade do que as análises unicaracterística, além do fato de que as análises bicaracterísticas permitem a estimação de mais parâmetros genéticos como as correlações existentes entre as características estudadas contribuindo para a identificação dos animais geneticamente superiores. As estimativas de herdabilidade e correlações genéticas para pesos as diversas idades em bovinos na raça Tabapuã foram no geral de altas magnitudes, embora possa ter ocorrido equívoco no ajuste das idades padrão levando a superestimação destes parâmetros.

**Palavras - chave:** bovinos de corte, correlações, eficiência produtiva, herdabilidade, modelo animal, seleção

## ABSTRACT

Were used 23,987 records of standardized weights at 120, 240, 365, 540 and 670 days of age Tabapuã of cattle raised in the State of Bahia in order to estimate the components of variance, covariance and genetic parameters by means of univariate and two-trait. The univariate and bi-trait were obtained by the method of restricted maximum likelihood using the MTDFREML software. The statistical model included random effects the genetic effects and residual additive and also the maternal effects and maternal permanent environment for P120 and P240 days. The fixed effects were contemporary group and the covariate linear and quadratic effects of age of the animal weighing and age at first calving. The residue was modeled by quintic order variance functions. Means and standard deviations were  $120.02 \pm 27.30$ ;  $192.95 \pm 37.41$ ;  $231.55 \pm 47.52$ ;  $312.37 \pm 62.46$  and  $347.52 \pm 66.54$  respectively for weight 120, 240, 365, 540 and 670 days of age. Estimates of direct heritability in univariate analysis were of high magnitude average being 0.22; 0.27; 0.22; 0.47 and 0.40 for the weights 120, 240, 365, 540 and 670 days of age respectively. For the analyzes estimates of heritability direct bi-characteristics were high magnitudes, being 0.38; 0.77; 0.85; 0.82 and 0.67 respectively for the weights 120, 240, 365, 540 and 670 days of age. It is observed during the increase animal growth and a decrease from 540 days old. Estimates of direct heritability obtained in the two-trait analyzes were higher than those obtained in univariate analysis. Genetic correlations ranged from moderate to high, decreasing with increasing distance between ages. The two-trait analyzes provided higher estimates of heritability than univariate analysis, apart from the fact that the two-trait analyzes allow the estimation of most genetic parameters as the correlation between the traits contributing to the identification of genetically superior animals. Estimates of heritability and genetic correlations weights for the different ages in cattle in Tabapuã were generally of high magnitudes, although it may have been misunderstanding in setting the standard ages leading to overestimation of these parameters.

**Key-words:** beef cattle, correlations, production efficiency, heritability, animal model, selection

## INTRODUÇÃO

A pecuária bovina de corte brasileira está passando por um processo de modernização, em consequência da necessidade de aumentar a eficiência produtiva, causada em parte pela abertura de mercados e pela competição por outros tipos de carne. Para manter a competitividade é preciso aumentar a produtividade dos bovinos, o que pode ser atingido pela combinação de melhores manejos, nutrição, reprodução e sanidade, aliados a animais de maior potencial genético (SILVA et al., 2013).

O Brasil detém o segundo maior rebanho bovino do mundo, atrás apenas da Índia, isto corresponde a aproximadamente 12% da população mundial. Em termos de produção mundial de carne, o Brasil ocupa o primeiro lugar, superando a Austrália e os EUA, com produção anual de 7,5 milhões de toneladas de carne (IBGE, 2014). O rebanho bovino brasileiro vem aumentando quantitativa e qualitativamente, principalmente o rebanho de corte (OLIVEIRA et al., 2011). O Brasil é destaque mundial do ponto de vista da capacidade de produção de bovinos a pasto, fato este que tem chamado atenção dos países importadores de carne, sendo que em 2012 as exportações de carne bovina renderam ao país 5 bilhões de dólares (MALHADO et al., 2013).

A região Nordeste do Brasil apresenta importância na criação de bovinos, com maior destaque na criação de bovinos de corte, na qual a bovinocultura praticada nesta região é formada basicamente de animais zebus criados a pasto, bastante adaptados às condições edafo-climáticas da região, sendo a raça Tabapuã uma das melhores para produção de carne em menor tempo, porém como consequência de secas periódicas, baixo potencial genético dos animais e das pastagens, a produção e produtividade são baixas, impondo prejuízos econômicos à atividade (YOKOO et al., 2012).

Os baixos índices reprodutivos das raças zebuínas, constantemente mencionados na literatura científica, impõem prejuízos econômicos graves à atividade e limitam a implementação de programas de melhoramento genético (LACERDA et al., 2014).

Dentro de programas de melhoramento genético um ponto de suma importância é o acompanhamento o progresso das características ao longo do tempo, que assim viabiliza fazer interferências quando necessárias, almejando alcançar os objetivos de seleção (SANTOS et al., 2012).

Medidas de pesos em determinadas idades servem como critérios de seleção nos programas de melhoramento de gado de corte em virtude de apresentaram

herdabilidades de magnitude média a alta, também por estar diretamente ligadas ao retorno em ganho de peso, tempo de permanência do animal no rebanho, apresentar alta correlação com o produto final e por serem de fácil mensuração (GUSMÃO et al., 2009).

A avaliação genética e posterior seleção dos animais depende, entre outros fatores, da disponibilidade de estimativas de parâmetros genéticos para as características de interesse (ALBUQUERQUE e EL FARO, 2008). Muitos autores relatam várias estimativas de parâmetros genéticos para bovinos para inúmeras características. Em gado de corte, normalmente, para características de crescimento, os componentes de variância são estimados considerando o peso as idades-padrão como, por exemplo, nascimento, desmama, ano e final utilizando-se análises uni ou multicaracterísticas.

As análises convencionais para estimar os componentes de covariância e os parâmetros genéticos para características de crescimento são realizadas, em geral, por meio de análises uni ou multicaracterísticas, com variâncias não estruturadas, sendo estes modelos denominados de "modelos de dimensão finita". Nos modelos de dimensão finita, as covariáveis entre as produções nos diversos controles variam e as correlações podem ser menores que a unidade, não sendo feitas pressuposições sobre a estrutura de covariância (RIBEIRO et al., 2009).

Os modelos multicaracterísticos são bastante utilizados para estimação de parâmetros genéticos em bovinos de corte, pois fornecem predições para determinados pontos ou idades na curva de crescimento dos animais.

Desta forma objetivou-se comparar os componentes de variância e covariância para produção de carne de bovinos da raça Tabapuã utilizando modelos de uni e bi-características.

## MATERIAL E MÉTODOS

As características estudadas foram os pesos às várias idades consideradas como medidas repetidas de um mesmo animal. Os dados foram obtidos junto a Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), referentes a animais da raça Tabapuã, nascidos no período de 1975 a 2001, criados no Estado da Bahia. O arquivo inicial constava com 42.802 registros de pesos de 8.458 animais da raça Tabapuã mensurados ao nascimento e, em média, a cada 90 dias, até os 660 dias de idade.

As análises descritivas dos dados foram obtidas por meio de procedimentos do programa SAS (Statistical Analysis System, versão 9.1). Portanto, a preparação, formatação e descrição dos dados, foram realizadas com rotinas no programa SAS, verificando restrições, limitações e a consistência das informações. Após as restrições e limitações impostas no banco de dados, foram considerados para as análises uni e bicaracterísticas 23.987 informações de pesagens do arquivo total.

Foram considerados nas análises, os animais com pai e mãe conhecidos, os grupos contemporâneos com mais de oito animais, filhos de vacas com mais de dois anos de idade e intervalos de parto maior que nove meses, sob um sistema de criação extensivo exclusivamente a pasto. O grupo de contemporâneos (GC) foi composto por: sexo, mês e ano de nascimento, mês e ano de pesagem, fazenda e condição de criação. Duas condições de criação foram consideradas: animais desmamados ou mamando sem ordenha. Aplicou-se a restrição de que cada grupo de contemporâneo deveria conter, no mínimo oito animais, totalizando 1473 grupos de contemporâneos. Foram excluídos registros de pesos fora dos intervalos dados pela média do grupo de contemporâneos mais ou menos três desvios-padrão.

As análises foram realizadas em duas etapas: realização de análise bicaráter, com a finalidade de se estimar os componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos e análise unicaráter, com finalidade de predizer o valor genético dos animais.

Para realização das análises uni e bicaracterísticas os 23.987 dados de pesos foram previamente ajustados as idades padrão de 120, 240, 365, 540 e 670 dias de idade. A avaliação do crescimento de bovinos de corte por meio da utilização de idades padronizadas é necessário para que se torne possível a comparação do desempenho dos animais.

Optou-se pela utilização do peso a partir dos 120 dias de idade, por se tratar de uma característica diretamente ligada com as outras P240, P365, P540 e P670, além do



fato de a característica peso aos 120 dias de idade sofrer pouca influencia do manejo e grande influência materna, o que nos permite avaliar a habilidade materna da mãe de crescimento da pré desmama do animal.

A padronização dos pesos foi feita da seguinte forma: Os pesos aos 120 e 240 dias foram estimados com base no ganho médio diário entre pesagens anterior e posterior a idade padrão ( $\pm 60$  dias). Peso aos 365 dias foi baseado no ganho médio diário entre o nascimento e pesos aos 120 e 240 dias de idade. Pesos aos 540 e 670 dias foi ajustado de acordo com o ganho médio diário após a desmama e a pesagem anterior.

O modelo estatístico incluiu como efeitos aleatórios: efeitos genético aditivo direto e residual e, também, os efeitos genéticos materno e de ambiente permanente materno para P120 e P240. Os efeitos fixos considerados foram: Grupo de contemporâneo e as covariáveis efeito linear e quadrático da idade do animal à pesagem e idade da vaca ao parto.

Para estimar os parâmetros genéticos, utilizou-se a metodologia de modelos mistos sob modelo animal e os componentes de (co)variância foram estimados por máxima verossimilhança restrita com o procedimento livre de derivadas sob modelo animal, para o cálculo dos correspondentes parâmetros genéticos, utilizando-se o programa MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995).

As análises univariadas foram realizadas para as características avaliadas de acordo com as idades-padrão, que, posteriormente, serviram de base comparativa para as análises bivariadas dos pesos subsequentes. Estas análises tinham a finalidade de prever os parâmetros genéticos e posteriormente verificar se as estimativas destes parâmetros apresentam diferenças, quando estimadas por meio das análises uni e bicaracterística.

Na primeira etapa das análises, as informações foram analisadas por meio de procedimentos bicaracterísticos. As análises bicaracterísticas foram executadas entre os pares de pesos considerados no estudo, para estimar as correlações fenotípicas e genéticas entre as características em estudo. As análises das variáveis em estudo foram realizadas segundo modelo animal:

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

em que:

**y**: vetor de observações;  **$\beta$** : vetor do efeito fixo (grupo de contemporâneo); **a**: vetor do efeito genético aditivo; **X**: matriz de incidência que associa  $\beta$  com **y**; **Z** é a matriz de incidência do efeito genético aditivo; e **e**: vetor residual.

O programa MTDFREML utiliza-se do método simplex, proposto por Nelder e Mead (1965), citados por Boldman et al. (1995), para localizar o mínimo de  $-2\log L$ , em que L representa a função de verossimilhança depois de atingido o critério de convergência ( $10^{-9}$ ). Foram fornecidos valores iniciais, previamente calculados, dos componentes de variância e, a cada interação, novos valores foram calculados até que a função fosse maximizada, quando então a convergência era atingida (com valores da função  $-2 \log L$  inferiores a  $10^{-9}$ ). A cada convergência, o programa foi reiniciado, usando como valores de (co)variâncias iniciais aqueles obtidos na análise anterior. Este procedimento foi repetido até que os componentes estimados não diferissem entre uma análise e outra para cada característica estudada.

Os resultados obtidos com as análises uni e bi-características foram comparados para determinação de qual das análises é mais indicada para descrever o crescimento de bovinos da raça Tabapuã.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estatísticas descritivas para as características estudadas são apresentadas na Tabela 1, que apresenta o número de observações, as médias e os desvios padrão, os coeficientes de variação e as amplitudes observadas para cada característica: pesos às idades-padrão 120, 240, 365, 540 e 670 dias.

As idades- padrão foram escolhidas com base nos programas de melhoramento genético de raças zebuínas existentes no Brasil. As padronizações dos pesos nas idades estudadas foram baseadas em uma pesagem anterior e uma posterior à idade padrão referência. Como as pesagens foram realizadas a cada três meses, no caso de perda de informação, o intervalo máximo considerado entre a pesagem posterior e a anterior para a padronização foi de aproximadamente 60 dias. O peso dos animais ao nascimento e os pesos ajustados aos 120, 240, 365, 540 e 670 dias de idade foram analisados como características diferentes.

Observa-se na Tabela 1 que as médias dos pesos às idades-padrão foram aumentando no decorrer do crescimento dos animais variando de 120 kg (aos 120 dias) a 347 kg (aos 670 dias). Os desvios padrão mostraram tendência similar às médias, aumentando com a idade, apresentando uma diminuição da intensidade de crescimento após um ano de vida.

**Tabela 1** – Números de observações, médias e desvios-padrão (DP), coeficientes de variação (CV%) e amplitudes observadas para os pesos aos 120 (P120), 240 (P240), 365 (P365), 540 (P540) e 670 (P670) dias em análises uni e bivariadas

Caraterística	P120	P240	P365	P540	P670
N	6463	6987	5220	3750	1567
Médias±DP (kg)	120,02±27,30	192,95±37,41	231,55±47,52	312,37±62,46	347,52±66,54
CV%	22,75	19,39	20,53	20,00	19,15
Amplitude	149	280	393	500	481

Fato parecido foi descrito por Ferraz Filho et al. (2002) que observaram médias de pesos em bovinos da raça Tabapuã aos 205, 365 e 550 dias de idade e seus respectivos desvios-padrão de 169,82±23,66; 222,28±34,89 e 286,66±53,19 kg, com coeficientes de variação de 13,93%, 15,70% e 18,55%, respectivamente.

Campelo et al. (2003) encontraram médias de 117, 96; 193,69; 245,36 kgs respectivamente para pesos aos 120, 240 e 420 dias de idade em bovinos da raça Tabapuã.

Os coeficientes de variação (Tabela 1) variaram de 22,75% (aos 120 dias) a 19,15% (aos 670 dias), observa-se uma diminuição do coeficiente de variação no decorrer do crescimento dos animais. Encontrou-se variabilidade genética entre os pesos dos animais em todas as idades analisadas, o que indica que a seleção pode promover ganhos consideráveis no peso corporal dos animais da raça Tabapuã, em todas as idades-padrão.

As estimativas de componentes de covariância, parâmetros genéticos e fenotípicos para análises unicaracterísticas nas idades padrão estão apresentadas na Tabela 2.

**Tabela 2** –Estimativas de componentes de covariância e parâmetros genéticos e fenotípicos, para as características estudadas, a partir de análises univariadas

Característica	P120	P240	P365	P540	P670
<b>Componentes de variância</b>					
$\sigma_a^2$	65,6759	192,3259	240.9227	785.1280	766.7278
$\sigma_m^2$	35,8699	153,1145	304.0416		
$\sigma_{am}$	-13,8542	-88,0089	-153.9770		
$\sigma_c^2$	13,1831	38,0789	12.2334	0.1145	0.9746
$\sigma_e^2$	198,2872	425,8017	679.7853	869.0093	1143.4569
$\sigma_f^2$	299,1619	721,3122	1083.0062	1654.1374	1910.1857
<b>Parâmetros genéticos</b>					
$h_{individual}^2$	0,22	0,27	0,22	0,47	0,40
$h_{materna}^2$	0,12	0,21	0,28		
$r_{gm}$	0,049	0,057	0,057	0,127	0,134

$\sigma_a^2$  = Variância genética aditiva direta,  $\sigma_m^2$  = variância genética aditiva materna,  $\sigma_{am}$  = covariância genética entre os efeitos aditivos direto e materno,  $\sigma_c^2$  = variância de ambiente permanente  $\sigma_e^2$  = variância ambiental,  $\sigma_f^2$  = variância fenotípica,  $h_{individual}^2$  = herdabilidade,  $h_m^2$  = herdabilidade aditiva materna,  $r_{gm}$  = correlação genética entre efeitos aditivos direto e materno.

As estimativas da variância genética aditiva direta aumentaram com a idade e crescimento dos animais variando de 65,67 kg<sup>2</sup> aos 120 dias a 766,72 kg<sup>2</sup> aos 670 dias de idade em análises unicaracterística. De modo semelhante, aumentos nas estimativas de variância genética aditiva direta durante o crescimento dos animais, porém com magnitudes superiores foram relatados por Dias et al. (2006) com bovinos da raça Tabapuã que observaram a mesma tendência em todo o período estudado do nascimento aos 550 dias de idade.

A variância genética aditiva materna aumentou no decorrer do crescimento do animal variando de 35,86 kg<sup>2</sup> aos 120 dias a 304,04 kg<sup>2</sup> a um ano de vida. Diferentemente ao relatado por Guterres et al. (2007) para a raça Brangus onde observaram decréscimo da variância genética aditiva materna com aumento da variância residual.

A variância de ambiente permanente de animal apresentou um aumento até os 240 dias de idade, com tendência de diminuição após o desmame variando de 12,23 kg<sup>2</sup> aos 365 dias a 0,97 kg<sup>2</sup> aos 670 dias de idade. O efeito de ambiente permanente foi alto indicando diferenças ambientais proporcionadas pela mãe aos seus diferentes filhos. Este efeito pode ser decorrente de incidentes que afetam a produção (bezerro) de uma mesma vaca, como por exemplo, a ocorrência de mastite, acidentes no úbere ou sequelas de alguma doença, entre outros.

A variância fenotípica aumentou no decorrer do crescimento do animal. A proporção da variância fenotípica decorrente do ambiente permanente foi responsável em grande parte pela variação.

A ausência de valores para estimativa da variância genética aditiva materna para peso aos 540 e 670 dias de idade se deve ao fato de que a contribuição destes efeitos na variância fenotípica total ser inferior a 5%.

As estimativas de variâncias genética aditiva direta, genética aditiva materna e variância ambiental para pesos as idades padrão 120, 240, 365, 540 e 670 dias em análises bicaracterística estão apresentadas na Tabela 3.

As estimativas de variância genética aditiva direta (Tabela 3) mostraram um aumento dos 120 aos 240 dias de idade, com decréscimo a partir desta idade variando de 106,03 kg<sup>2</sup> aos 365 dias a 61,14 kg<sup>2</sup> aos 670 dias de idade. Resultado diferente ao encontrado nas análises unicaracterística, onde observou-se aumento da variância genética aditiva direta em todas as idades do animal no decorrer do seu crescimento.

Valores diferentes aos observados neste trabalho foram descritos por Baldi et al. (2010) com bovinos da raça Canchim em que a variância genética aditiva direta em análise bicaracterística foi superior às estimadas em análise unicaracterística para pesos a partir de um ano de idade. Para a raça Nelore Boligon et al. (2009) em estudo com pesos de bovinos à seleção em conjunto com o peso a idade adulta encontraram estimativas de variância genética aditiva direta nas análises bicaracterística superiores as análises unicaracterística.

**Tabela 3** – Covariâncias (acima da diagonal), correlações (abaixo da diagonal) e herdabilidades para as características estudadas, a partir de análises bivariadas

<b>Caraterística</b>	<b>P120</b>	<b>P240</b>	<b>P365</b>	<b>P540</b>	<b>P670</b>
<b>Efeito genético aditivo direto</b>					
P120	65,6759	124,5737	106,0349	70,1184	61,1427
P240	0,84	192,3259	558,9730	729,8010	197,8995
P365	0,78	0,76	240,9227	894,2319	695,1638
P540	0,81	0,88	0,83	785,1280	712,0871
P670	0,90	0,80	0,91	0,82	766,7278
<b>Efeito genético aditivo materno</b>					
P120	35,8699	0,02130	5,6243	-3,7486	1,2437
P240	0,89	153,1145	-74,6027	-0,4490	0,6909
P365	0,92	0,96	304,0416	-138,4663	-138,4663
P540	0,90	0,93	0,90		
P670	0,86	0,89	0,92	0,86	
<b>Efeito ambiental</b>					
P120	0,47	0,56	0,42	0,36	0,33
P240	0,56	0,36	0,55	0,00	0,52
P365	0,42	0,55	0,31	0,68	0,00
P540	0,36	0,00	0,68	0,55	0,83
P670	0,33	0,52	0,00	0,83	0,56

Nas análises uni e bicaracterísticas as variâncias de ambiente não são decompostas em permanente e temporário, sendo considerado a heterogeneidade de variância o que resulta em superestimação das variâncias genética direta e materna.

Observa-se que as correlações ambientais (Tabela 3) foram de moderadas a alta, sendo mais altas do nascimento até um ano alcançando 0,47, 0,56 e 0,42, respectivamente para peso aos 120, 240 e 365 dias de idade. Valores maiores do que os observados com modelo de regressão aleatória para os pesos nas mesmas idades. As correlações de ambiente indicam que os efeitos de meio favoráveis ao peso em determinada idade também contribuem para maior peso nas outras idades.

As herdabilidades para os efeitos aditivos diretos e maternos nas análises uni e bicaracterísticas estão apresentadas na Tabela 4.

Nas análises unicaracterística observa-se que as estimativas de herdabilidade direta (Tabela 4) foram de baixa magnitude até um ano de idade (0,22), com um aumento dos 540 até os 670 dias de idade. Estes valores de herdabilidade, apesar de baixos, mostram, em geral, que a raça Tabapuã apresenta variabilidade genética suficiente para que ocorra resposta à seleção baseada nos pesos estudados.

Em geral, as herdabilidades diretas estimadas e a variância genética aditiva direta sugerem haver variabilidade genética suficiente para a obtenção de ganho genético mais acentuado se a seleção individual for realizada considerando pesos após à desmama, uma vez que, neste período será possível melhor identificação dos animais geneticamente superiores.

**Tabela 4** – Herdabilidades direta e materna para pesos as idades padrão de 120, 240, 365, 540 e 670 dias em análises uni e bicaracterísticas.

<b>Característica</b>	<b>P120</b>	<b>P240</b>	<b>P365</b>	<b>P540</b>	<b>P670</b>
<b>Análise Unicaracterística</b>					
h <sup>2</sup> direta	0,22	0,27	0,22	0,47	0,40
h <sup>2</sup> materna	0,12	0,21	0,28		
<b>Análise Bicaracterística</b>					
Herdabilidade direta					
P120	0,38	0,77	0,85	0,82	0,67
P240	0,77	0,65	0,48	0,70	0,77
P365	0,85	0,48	0,72	0,91	0,93
P540	0,82	0,70	0,91	0,43	0,93
P670	0,67	0,77	0,93	0,93	0,44
Herdabilidade materna					
P120	0,02	0,34	0,73	0,33	0,55
P240	0,34	0,43	0,49	0,40	0,64
P365	0,73	0,49	0,42	0,10	0,22
P540	0,33	0,40	0,10		
P670	0,55	0,64	0,22		

Observa-se um aumento da herdabilidade dos 120 (0,38) aos 240 dias (0,77) seguido de aumento até um ano de idade (0,85) e um decréscimo dos 365 até os 670 (0,67) dias de idade, esses valores indicam a possibilidade de ganho genético por meio de seleção. Estimativas de herdabilidade direta maiores foram relatadas por Campelo et al. (2003) que encontraram valores de 0,70; 0,74; 0,76 respectivamente para pesos aos 120, 240 e 405 dias em bovinos da raça Tabapuã.

Para a raça Nelore (Malhado et al. 2008; Gusmão et al. 2009; Amaral et al. 2014) relataram estimativas de herdabilidade direta de mediana magnitude. As estimativas de herdabilidade direta nas análises bicaracterísticas (Tabela 4) foram superiores as encontradas nas análises unicaracterística.

As estimativas de herdabilidade materna em análise unicaracterística (Tabela 4) apresentaram baixa magnitude e mostraram um aumento dos 120 dias (0,12) até um ano de idade (0,28).

As estimativas de herdabilidade materna em análise bicaracterística (Tabela 4) mostraram um aumento dos 120 dias (0,02) até um ano de idade (0,73), com decréscimo dos 365 dias até os 540 dias de idade (0,33), seguido de aumento até os 670 dias de idade (0,55).

Ferraz Filho et al. (2002) encontraram valores de herdabilidade materna em bovinos da Tabapuã de 0,10; 0,03 e 0,03 para pesos aos 205, 365 e 550 dias respectivamente. Para a raça Nelore (Malhado et al. 2005; Malhado et al. 2008; Gusmão et al. 2009; Garnerio et al. 2010) relataram estimativas de herdabilidade materna de média a baixa magnitude.

Resultado diferente e superior ao observado nas análises unicaracterística. Pode-se observar com os modelos bicaracterística que o efeito materno influencia no crescimento dos animais da raça Tabapuã do nascimento até os 670 dias. A maior influencia do efeito materno deu-se no peso à desmama, dessa forma, maior resposta a seleção para habilidade materna em rebanhos da raça Tabapuã pode ser esperada com a seleção realizada com base em pesos obtidos próximo a desmama.

De acordo com Ferraz Filho et al. (2002) e Baldi et al. (2010) os efeitos maternos afetam o peso, inclusive após o desmame provavelmente pelo fato de que efeitos residuais permanecem após essa idade, afetando portanto o crescimento dos animais. Segundo Dias et al. (2005), a não inclusão dos efeitos maternos nos modelos de análise para peso a desmama ou a idade padrão de 240 dias pode fazer com que parte da variância genética materna seja incluída na variância do efeito genético direto, resultando na superestimação desse efeito. De acordo com Sousa Júnior et al. (2010) a divisão dos efeitos maternos em genético e de ambiente permanente não é simples, principalmente com dados não experimentais e existe a possibilidade de considerar apenas um dos efeitos maternos nos procedimentos de análises, o que pode levar a superestimação da herdabilidade materna.

As altas estimativas de herdabilidades encontradas neste estudo podem ser devido a erro de programação onde pode ter ocorrido interpolação nos dados. Além disso pelo fato de o banco de dados não ter a mesma consistência no início, meio e fim pode também ter levado a altas estimativas de herdabilidade.



As correlações genéticas e fenotípicas para os pesos as diversas idades de bovinos da raça Tabapuã estão apresentadas na Tabela 5.

As correlações genéticas (Tabela 5) estimadas entre o peso ao nascer e os pesos até os 670 dias de idade foram positivas de moderadas magnitudes, com tendência de diminuição após os 540 dias de idade. Resultado inferior ao encontrado por Sousa Júnior et al. 2010 para a raça Tabapuã que encontraram correlações genéticas de 0,79; 0,77; 0,64 e 0,54 respectivamente entre o peso ao nascer e aos 240, 365, 540 e 660 dias de idade.

**Tabela 5** – Correlações genéticas e fenotípicas para pesos as diversas idades em bovinos da raça Tabapuã.

<b>Característica</b>	<b>Peso ao nascer</b>	<b>P120</b>	<b>P240</b>	<b>P365</b>	<b>P540</b>	<b>P670</b>
<b>Correlações Genéticas</b>						
<b>Peso ao nascer</b>		0,45	0,38	0,42	0,46	0,35
<b>P120</b>	0,45		0,63	0,68	0,72	0,70
<b>P240</b>	0,38	0,63		0,84	0,77	0,78
<b>P365</b>	0,42	0,68	0,84		0,86	0,88
<b>P540</b>	0,46	0,72	0,77	0,86		0,92
<b>P670</b>	0,35	0,70	0,78	0,88	0,92	
<b>Correlações fenotípicas</b>						
<b>Peso ao nascer</b>		0,62	0,55	0,63	0,70	0,60
<b>P120</b>	0,62		0,65	0,69	0,62	0,60
<b>P240</b>	0,55	0,65		0,72	0,70	0,65
<b>P365</b>	0,63	0,69	0,72		0,83	0,72
<b>P540</b>	0,70	0,62	0,70	0,83		0,88
<b>P670</b>	0,60	0,60	0,65	0,72	0,88	

Observa-se que as correlações genéticas estimadas entre os pesos da desmama aos 670 dias de idade foram altas e positivas e indicam que a maior parte dos genes responsáveis por maiores pesos nesse período são os mesmos. Tais resultados estão de acordo com Sousa Júnior et al. (2010) que variaram de 0,25 a 0,84 aos 660 dias para a raça Tabapuã em análise bicaracterística e com modelo de regressão aleatória.

Para a raça Nelore Silva et al. (2013) encontraram estimativas de correlações genéticas positivas e com média magnitude (0,55) entre as características peso aos 205 e peso aos 550 dias, alta magnitude com valores de 0,80 para peso aos 365 e 550 dias de idade. De acordo com estes autores as maiores correlações estão associadas com o peso aos 205 dias, indicando que os genes responsáveis por maiores pesos aos 205 dias de

idade são os mesmos atuantes nas demais idades, concluindo que a seleção para o aumento do peso em idade mais jovem leva ao aumento do peso adulto.

Albuquerque e Faro et al. (2008) em estudo sobre comparações entre os valores genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Nelore preditos com modelos de dimensão finita ou infinita observaram que as estimativas de correlação genética entre pesos nas diferentes idades tenderam a ser mais próximas quando obtidas com os modelos bicaracterística. As estimativas foram maiores entre os pesos tomados em idades mais próximas e diminuíram quando o intervalo de tempo entre eles aumentou semelhante ao observado neste trabalho. As correlações entre peso ao nascimento e pesos após a desmama foram de moderadas a baixas e indicam que a seleção para pesos nestas idades deve aumentar o peso ao nascimento mais lentamente que seleção para pesos antes da desmama.

As correlações fenotípicas foram positivas e de moderadas a altas magnitudes, diminuindo a medida que as idades se distanciavam, sugerindo que parte da superioridade dos animais em idade mais jovem será mantida nas idades mais avançadas.

As correlações genéticas foram superiores em magnitude as fenotípicas. Para a raça Tabapuã Ferraz Filho et al. 2002 demonstraram que as correlações fenotípicas podem ser menores que as genéticas, desde que associadas a correlações ambientes baixas e positivas, quando os genes que controlam duas características quaisquer são similares.

As análises bicaracterísticas forneceram maiores estimativas de herdabilidade do que as análises unicaracterística, além do fato de que as análises bicaracterísticas permitem a estimação de mais parâmetros genéticos como as correlações existentes entre as características estudadas contribuindo para a identificação dos animais geneticamente superiores.

## CONCLUSÃO

As estimativas de herdabilidade e correlações genéticas para pesos as diversas idades em bovinos na raça Tabapuã foram no geral de altas magnitudes, embora possa ter ocorrido equívoco no ajuste das idades padrão levando a superestimação destes parâmetros.

Desta forma a seleção baseada nos pesos pré desmama não alcançaria grandes ganhos genéticos para maior peso em bovinos Tabapuã, pois durante este período existe grande influência dos efeitos maternos com pouca influência do ambiente promovendo resposta para habilidade materna.

Portanto de acordo com os resultados deste trabalho a seleção seria mais eficiente após a desmama em bovinos Tabapuã no Estado da Bahia, período no qual obteve-se maiores estimativas de variância genética aditiva e de herdabilidade permitindo melhor identificação dos animais geneticamente superiores para esta característica.

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

A avaliação genética e posterior seleção dos animais depende, entre outros fatores, da disponibilidade de estimativas de parâmetros genéticos para as características de interesse.

Os modelos de dimensão finita e infinita tem sido usados para modelar características medidas repetidamente na vida dos animais. As análises uni e bicaracterísticas fornecem previsões para determinados pontos ou idades, enquanto os modelos de regressão aleatória permitem a previsão de valores genéticos para a curva de crescimento como um todo para qualquer idade desejada e para funções da curva de crescimento.

O modelo de regressão aleatória em comparação as análises uni e bicaracterísticas mostrou-se mais adequado para descrever as mudanças nas variâncias dos pesos do nascimento aos 660 dias de idade e também nas idades padrão devido a partição dos efeitos aleatórios em efeitos genéticos e de ambiente direto e materno.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALBUQUERQUE, L. G.; FARO, L. E. Comparações entre os valores genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Nelore preditos com modelos de dimensão finita ou infinita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 2, p. 238-246, 2008.
- AMARAL, R. S.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R.; AMBROSINI, D. P.; MALHADO, C. H. M. Tendências, parâmetros fenotípicos e genéticos de características de crescimento em bovinos Nelore mocho do Nordeste brasileiro. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 15, n.2, p. 261-271, 2014.
- BALDI, F.; ALENCAR, M. M.; ALBUQUERQUE, L. G. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchim utilizando modelos de dimensão finita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n.11, p. 2409-2417, 2010.
- BOLIGON, A. A.; ALBUQUERQUE, L. G.; MERCADANTE, M. E. Z.; Herdabilidade e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 12, p. 2320-2326, 2009.
- CAMPELO, J. E. G.; LOPES, P. S.; TORRES, R. A.; SILVA, L. O. C.; EUCLYDES, R. F.; ARAÚJO, C. V.; PEREIRA, C. S. Influencia da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da raça Tabapuã. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 55, n. 6, p. 685-693, 2003.
- DIAS, L. T.; ALBUQUERQUE, L. G.; TONHATI, H.; TEIXEIRA, R. A. Estimação de parâmetros genéticos para peso em diferentes idades para animais da raça tabapuã. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n. 6, p. 1914-1919, 2005.
- FERRAZ FILHO, P. B.; RAMOS, A. A.; SILVA, L. O. C.; SOUZA, J. C.; ALENCAR, M. M.; MALHADO, C. H. M. Tendência genética dos efeitos direto e materno sobre pesos à desmama e pós desmama de bovinos da raça Tabapuã no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 31, n. 2, p. 635-640, 2002.
- FERRAZ FILHO, P. B.; RAMOS, A. A.; SILVA, L. O. C.; SOUZA, J. C.; ALENCAR, M. M. Herdabilidade e correlações genéticas, fenotípicas e ambientais para pesos em diferentes idades de bovinos da raça Tabapuã. *Archives of Veterinary Science*, v. 7, n. 1, p. 65-69, 2002.
- GARNERO, A. V.; MUÑOZ, M. C. C. D.; MARCONDES, C. R.; LOBO, R. B.; LIRA, T.; GUNSKI, R. J. Estimação de parâmetros genéticos entre pesos pré e pós desmama na raça Nelore. **Arquivo de Zootecnia**, v. 59, n. 226, p. 307-310, 2010.

GUSMÃO, F. B.; MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R. Tendências genéticas, fenotípicas e ambientais para D160 e D240 em bovinos Nelore no Estado da Bahia. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 40, n.2, p. 301-305, 2009.

GUTERRES, L. F. W.; RORATO, P. R. N.; BOLIGON, A. A.; WEBER, T.; KIPPERT, C. J.; LOPES, J. S.; SOUZA, P. R. S. Efeito da inclusão da covariância genética aditiva direta materna no modelo de análise sobre a magnitude das estimativas de parâmetros e valores genéticos preditos para ganho de peso na raça Brangus. **Ciência Rural**, v. 37, n. 3, p. 809-814, 2007.

IBGE, Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produção da pecuária municipal**. v.38, p. 1-65, Rio de Janeiro, 2014.

LACERDA, J.J.D.; CARNEIRO, P. L.S.; MARTINS FILHO, R.; MALHADO, C.H.M. Parâmetros e tendências genéticas para características de crescimento em bovinos da raça Nelore no Estado da Bahia utilizando inferência bayesiana. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.15, n.1, p.10-19, 2014.

MALHADO, C. H. M.; MARTINS FILHO, R. M.; LOBO, R. N. B.; FACÓ, O.; AZEVEDO, D. M. M. R. Tendências genéticas para características relacionadas a velocidade de crescimento em bovinos Nelore na região Nordeste do Brasil, v.34, n. 1, p. 60-65, 2005.

MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R.; AZEVEDO, D. M. M. R.; AFFONSO, P. R. A. M.; SOUZA, J. C. Correlações genéticas entre características de crescimento e parâmetros genéticos da curva em bovinos da raça Nelore. **Revista Científica de Produção Animal**, v. 10, n.2, p. 102-111, 2008.

MALHADO, H. M.; MALHADO, A. C. M.; MARTINS FILHO, R.; CARNEIRO, P. S.; CARRILO, J. A. Age at first calving Nellore cattle in the semi-arid region of northeastern Brazil using linear, threshold, censored and penaltymodels. **Livestock Science**, v.2, p.17-21, 2013.

OLIVEIRA, V. S. A.; BONATO, G. L.; SANTOS, R. M.; Eficiência reprodutiva de vacas primíparas da raça Nelore. **Acta Scientiae Veterinariae**, v. 39, n.2, p. 963-966, 2011.

RIBEIRO, S. H. A.; PEREIRA, J. C. C.; VERNEQUE, R. S.; SILVA, M. A.; BERGMANN, J. A. G. Efeito da covariância genética aditivo-materna sobre estimativas de parâmetros genéticos e em avaliações genéticas de características de crescimento de animais Tabapuã. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 61, n. 2, p. 401-406, 2009.

SANTOS, G. C.J.; LOPES, F. B.; MARQUES, E. G.; SILVA, M. C.; CAVALCANTE, T. V.; FERREIRA, J. L. Tendência genética para pesos padronizados aos 205, 365 e 550 dias de idade de bovinos Nelore na região Norte do Brasil. **Acta Scientiarum Animal Sciences**, v. 34, n. 1, p. 97-101, 2012.

SILVA, R. M.; SOUZA, J. C.; SILVA, L. O. C.; SILVEIRA, M. V.; FREITAS, J. A.; MARÇAL, M. F. Parâmetros e tendências genéticas para pesos de várias idades em bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 14, n. 1, p. 21-28, 2013.

YOKOO, M. J.; MAGNABOSCO, C. U.; ROSA, G. J. M.; LOBO, R. B.; ALBUQUERQUE, L. G. Características reprodutivas e suas associações com outras características de importância econômica na raça Nelore. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.64, n.1, p.91-100, 2012.