

UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
FACULDADE DE ZOOTECNIA E ENGENHARIA DE ALIMENTOS

GERSON BARRETO MOURÃO

Estimação de efeitos genéticos aditivos diretos e maternos e não aditivos e, predição do desempenho de pesos, perímetro escrotal e musculabilidade em uma população de bovinos de corte compostos (*Bos taurus* x *Bos indicus*).

Pirassununga

2005

GERSON BARRETO MOURÃO

Estimação de efeitos genéticos aditivos diretos e maternos e não aditivos e, predição do desempenho de pesos, perímetro escrotal e musculosidade em uma população de bovinos de corte compostos (*Bos taurus* x *Bos indicus*).

Tese apresentada à Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, como parte dos requisitos para a obtenção do Título de Doutor em Zootecnia.

Área de Concentração: Qualidade e Produtividade Animal.

Orientador: Prof. Dr. José Bento Sterman Ferraz

Pirassununga

2005

FICHA CATALOGRÁFICA

preparada pela

Biblioteca da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo

M931e	<p>Mourão, Gerson Barreto</p> <p>Estimação de efeitos genéticos aditivos diretos e maternos e não aditivos e, predição do desempenho de pesos, perímetro escrotal e musculosidade em uma população de bovinos de corte compostos... / Gerson Barreto Mourão – Pirassununga, 2005. 109 f.</p> <p>Tese (Doutorado) -- Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos – Universidade de São Paulo. Departamento de Ciências Básicas. Área de Concentração: Qualidade e Produtividade Animal. Orientador: Prof. Dr. José Bento Sterman Ferraz.</p> <p>Unitermos: 1. Mestiços 2. Bovinos de Corte 3. Heterose 4. Peso 5. Melhoramento Genético 6. Vigor híbrido 7. Zebu I. Título.</p>
-------	---

Folha de Aprovação

Aprovado em: 21/10/2005

Banca Examinadora Titular

Prof. Dr. José Bento Stermann Ferraz (Orientador, FZEA/USP) Assinatura: _____

Prof. Dr. Albino Luchiari Filho (FZEA/USP) Assinatura: _____

Prof. Dr. Henrique Nunes de Oliveira (UNESP, Botucatu) Assinatura: _____

Prof. Dr. Júlio César de Carvalho Balieiro (FZEA/USP) Assinatura: _____

Prof. Dr. Luiz Alberto Fries (Lagoa da Serra, GenSys) Assinatura: _____

DEDICATÓRIA

Dedico,

À minha esposa Luciana

Ao meu pai Onofre (in memorian)

À minha mãe Geni

Ao meu filho Gabriel

À providência divina que sempre me orientou...

AGRADECIMENTOS

Aqueles que de alguma maneira contribuíram para minha formação profissional distribuindo elogios e críticas.

Aos meus modelos profissionais: Prof. Mestre Luiz Henrique de Aquino, o primeiro mestre científico; Prof. PhD. José Aurélio Garcia Bergmann e Prof. Dr. José Bento Sterman Ferraz, os orientadores de fato e responsáveis pela minha formação científica.

Aos pró-orientadores e amigos Prof. Dr. Joanir Pereira Eler, Prof. Dr. Júlio César Carvalho Balieiro e Prof. Dr. César Gonçalves de Lima

Ao grande apoio das amigas Elisângela Chicaroni Mattos e Rachel Santos Bueno.

Aos compadres Sancho e Paula.

Aos colaboradores Marcelo, Érica, Heloise, Leila, Ivan, Brumati, Rachel, Spin, Daniele, Sandra, Aline, Rodrigo, Andréa, Vítor, Éder, Zé Henrique, Saulo, ...

À Luciana por suportar e me apoiar em todos os momentos de maneira incondicional.

Ao Gabriel por ceder seu tempo (mesmo não querendo), pra eu concluir este trabalho.

Ao GMA por me acolher em suas dependências e ceder os bancos de dados fundamentais na elaboração deste trabalho.

Às universidades privadas em que neste período me deram oportunidade de trabalho...

À comissão de pós-graduação em nome de seus organizadores e, sobretudo de seus funcionários que sempre me atenderam com atenção e muito carinho.

EPÍGRAFE

"A confiança em si mesmo é o primeiro segredo do sucesso".

Ralph Waldo Emerson

"Ninguém comete erro maior do que não fazer nada porque só pode fazer um pouco".

Edmund Burke

RESUMO

MOURÃO, G. B. *Estimação de efeitos genéticos aditivos diretos e maternos e não aditivos e, predição do desempenho de pesos, perímetro escrotal e musculosidade em uma população de bovinos de corte compostos (Bos taurus x Bos indicus)*, 2005. 109 f. Tese (Doutorado) - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2005.

Dados de peso ao nascimento, ao desmame, aos 390 dias, o ganho de peso do desmame aos 390 dias, o perímetro escrotal e a musculosidade aos 390 dias de uma população, composta por vários tipos biológicos e envolvida na formação do composto Montana Tropical[®] foram analisados, segundo três modelos diferentes, com os objetivos de: i) analisar a influência dos efeitos genéticos e de ambiente; ii) estimar os fatores de ajuste para esses efeitos; iii) avaliar a contribuição genética aditiva direta e materna, os efeitos genéticos aditivos e não aditivos; iv) estimar parâmetros genéticos e v) quantificar os efeitos dos modelos sobre as DEPs de peso ao desmame. Os três modelos estudados foram: Modelo RM - modelo que incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (GC), a classe de idade da mãe ao parto (CIMP) e as covariáveis associadas aos efeitos genéticos aditivos diretos e maternos, além das covariáveis associadas aos efeitos genéticos não aditivos das heterozigoses, tanto para efeitos diretos, quanto para efeitos maternos; Modelo R - considerou os mesmos efeitos do modelo RM à exceção dos efeitos aditivos de raça materna e o Modelo H, que considerou os efeitos incluídos no modelo R, à exceção dos efeitos aditivos de raças. As estimativas de componentes de (co) variâncias e parâmetros genéticos foram obtidas pela metodologia REML, sob um modelo animal. O efeito de GC foi o principal responsável por parte das somas de quadrados total nas diferentes características. Os efeitos das CIMPs sobre as características estudadas foram importantes, alcançando magnitudes de ajustes de até 30 kg, relativos às diferenças entre fêmeas jovens (CIMP = 1) e fêmeas adultas (CIMP = 4). Os efeitos aditivos diretos e maternos e as heterozigoses, de um modo geral, foram significativos ($P < 0,05$) para todas as características. O modelo RM parece fornecer estimativas de melhor qualidade que os modelos R e H, o que é confirmado junto ao processo de predição do desempenho por parte destes modelos. Em termos gerais, o modelo RM foi capaz de prever com boa capacidade as combinações genéticas mais frequentes dentro desta população composta. Os parâmetros genéticos estimados para as características estudadas foram em geral de médias a altas magnitudes e podem servir como apoio para a realização de análises e

estimação de valores genéticos. O tipo biológico N contribuiu para a geração de vacas que promovem maiores pesos ao desmame e aos 390 dias, sobretudo, em relação aos tipos biológicos adaptado e britânico. É possível concluir que: i) os efeitos de GC e de CIMP devem ser incorporados no processo de modelagem; ii) Modelos de estimação que sejam capazes de quantificar e segregar os efeitos aditivos de raça diretos e maternos daqueles efeitos das heterozigoses, como o modelo RM, devem ser eleitos; iii) como, em geral, existe a relação linear entre as heterozigoses e as heteroses e deve ser considerada nas avaliações genéticas; iv) os resultados evidenciam a contribuição genética da heterose nos sistemas de produção e v) são necessárias avaliações suplementares com modelos mais complexos.

Palavras-chave: cruzados, vigor híbrido, zebu

ABSTRACT

MOURÃO, G. B. **Estimation of additive direct and maternal genetic and non additive effects and prediction of the performance of weights, scrotal circumference and muscling scores in a *Bos taurus* x *Bos indicus*, composite beef cattle population.** 2005, 109 p. PhD. Thesis - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2005.

Data of weights at birth, weaning, 390 days, weight gain from weaning to 390 days, scrotal circumference and muscling scores at 390 days of age of a population used in the formation of the Montana Tropical[®] beef composite, raised under tropical conditions, were analyzed under three different models to: i) determine genetic and environment effects ii) determine the adjustment factors those effects; iii) study genetic contribution of additive direct and maternal breed effects and non additive genetic effects; iv) estimate genetic parameters and v) quantify the effects of those models on estimation of expected progeny differences. Three models studied were: Model RM - included the effect of group of contemporaries (GC), the class of age of the cow to the calving (CIMP), the covariates associated to the genetic additive maternal and direct breed effect and the covariates associated to the non additive genetic effect of heterozygosis; Model R considered the effects of model RM, except the maternal additive breed effect and Model H, that considered effects of model R, except the additive direct breed effect. The estimates of (co)variance components and genetic parameters were obtained by the REML methodology under an animal model. The GC effect was the main effect in the different characteristics. The effect of the CIMP was also very important and differences up to 30 kg were observed in weaning weights of young heifers (CIMP = 1) when compared to adult cows (CIMP = 4). Additive direct and maternal breed effects and heterozygosis, in a general, had been significant ($P < 0.05$) for all the traits. Model RM seems to supply better estimates than models R and H, what it is confirmed in the process of prediction of the performance on the part of these models. The estimated genetics parameters were from average to the high magnitudes. It can be conclude that CIMP and GC effect must be incorporated in the modeling process. Models of estimation that are able to segregate and quantify the additive maternal and direct breeds effects and also the effect of heterozygosis, as model RM, must be elect. In general terms, model RM was able to predict the performance of the more frequent genetic combinations of this composite population. The variance components and heritability estimated can support selection programs. Biological type N

contributed for the generation of cows that promote higher weaning and 390 days weights as compared to the biological types Adapted and British. In general the linear relation between heterozigoses and heterosis and must be considered in the genetic evaluations. The results evidence the genetic contribution of heterosis in the production systems and further and more complex models are needed to elucidate the composite populations (co)variance components estimation.

Key-words: crossbred, hybrid vigor, zebu

LISTA DE FIGURAS

Figura 1.	Distribuição geográfica das fazendas integrantes do programa Montana Tropical [®]	34
Figura 2.	Esquema de formação dos animais compostos Montana Tropical [®]	41
Figura 3.	Estimativas dos efeitos aditivos maternos estimados como desvios do tipo biológico materno N, pelo modelo de análise RM para peso ao nascimento de bovinos compostos.	57
Figura 4.	Estimativas dos efeitos aditivos maternos estimados como desvios do tipo biológico materno N, pelo modelo de análise RM para peso aos 205 dias de bovinos compostos.	59
Figura 5.	Estimativas dos efeitos aditivos maternos estimados como desvios do tipo biológico materno N, pelo modelo de análise RM para peso aos 390 dias de bovinos compostos.	60
Figura 6.	Estimativas dos efeitos aditivos maternos estimados como desvios do tipo biológico materno N, pelo modelo de análise RM para ganho de peso do desmame aos 390 dias de bovinos compostos.....	61
Figura 7.	Estimativas dos efeitos aditivos maternos estimados como desvios do tipo biológico materno N, pelo modelo de análise RM para perímetro escrotal aos 390 dias de bovinos compostos.....	62
Figura 8.	Estimativas dos efeitos aditivos maternos estimados como desvios do tipo biológico materno N, pelo modelo de análise RM para escore de musculosidade aos 390 dias de bovinos compostos.....	63
Figura 9.	Estimativas dos efeitos aditivos diretos estimados como desvios do tipo biológico N, pelos modelos de análise RM e R para peso ao nascimento de bovinos compostos.....	65
Figura 10.	Estimativas dos efeitos aditivos diretos estimados como desvios do tipo biológico N, pelos modelos de análise RM e R para peso ao desmame de bovinos compostos.....	67
Figura 11.	Estimativas dos efeitos aditivos diretos estimados como desvios do tipo biológico N, pelos modelos de análise RM e R para peso aos 390 dias de bovinos compostos.....	68

Figura 12.	Estimativas dos efeitos aditivos diretos estimados como desvios do tipo biológico N, pelos modelos de análise RM e R para ganho de peso do desmame aos 390 dias de bovinos compostos.....	69
Figura 13.	Estimativas dos efeitos aditivos diretos estimados como desvios do tipo biológico N, pelos modelos de análise RM e R para perímetro escrotal aos 390 dias de bovinos compostos.....	71
Figura 14.	Estimativas dos efeitos aditivos diretos estimados como desvios do tipo biológico N, pelos modelos de análise RM e R para escore de musculosidade aos 390 dias de bovinos compostos.....	72
Figura 15.	Estimativas dos efeitos das heteroses diretas e materna, estimadas pelos modelos de análise RM, R e H para peso ao nascimento de bovinos compostos.....	74
Figura 16.	Estimativas dos efeitos das heteroses diretas e materna, estimadas pelos modelos de análise RM, R e H para peso ao desmame de bovinos compostos.....	76
Figura 17.	Estimativas dos efeitos das heteroses diretas e materna, estimadas pelos modelos de análise RM, R e H para peso aos 390 dias de bovinos compostos.....	78
Figura 18.	Estimativas dos efeitos das heteroses diretas e materna, estimadas pelos modelos de análise RM, R e H para ganho de peso do desmame aos 390 dias de bovinos compostos.....	80
Figura 19.	Estimativas dos efeitos das heteroses diretas e materna, estimadas pelos modelos de análise RM, R e H para perímetro escrotal aos 390 dias de bovinos compostos.....	81
Figura 20.	Estimativas dos efeitos das heteroses diretas e materna, estimadas pelos modelos de análise RM, R e H para escore de musculosidade aos 390 dias de bovinos compostos.....	83
Figura 21.	Dispersões das DEPs para PES205 nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 20% melhores para os modelos H ($DEP \geq 3,5$ kg) e RM ($DEP \geq 5,5$ kg).....	97
Figura 22.	Dispersões das DEPs para PES205 nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 20% melhores para os modelos H ($DEP \geq 3,5$ kg) e R ($DEP \geq 2,5$ kg).....	98

Figura 23. Dispersões das DEPs para PES205 nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 20% melhores para os modelos R ($DEP \geq 2,5$ kg) e RM ($DEP \geq 5,5$ kg)..... 98

LISTA DE TABELAS

Tabela 1.	Genótipos e valores genotípicos esperados nas gerações parentais, F ₁ e F ₂ do cruzamento de duas raças hipotéticas divergentes para dois genes dominantes.....	26
Tabela 2.	Grau máximo de retenção de heterose e ganho estimado para peso a desmama de bovinos de corte.....	27
Tabela 3.	Informações e localização referentes às fazendas de nascimento dos animais, incluindo as frequências absolutas e relativas, quanto à participação no número de animais.....	36
Tabela 4.	Mínimos e máximos aceitáveis das medidas e idades de obtenção de medida para a manutenção da informação no banco de dados para as características estudadas.....	38
Tabela 5.	Critérios utilizados para agrupar as idades das mães ao parto em classes, denominadas CIMP.....	38
Tabela 6.	Critérios utilizados para classificar os animais em grupos genéticos em função da composição racial do sistema NABC.....	39
Tabela 7.	Frequência absoluta de informações para as características no banco de dados em função dos principais grupos genéticos.....	40
Tabela 8.	Participação genética média e desvio padrão (DP) de cada tipo biológico do sistema NABC, em porcentagem, de acordo com o grupo genético.....	41
Tabela 9.	Frequência absoluta de touros, participação genética média e desvios padrão (DP) de cada tipo biológico do sistema NABC, em porcentagem, de acordo com o grupo genético à que o touro pertence.....	42
Tabela 10.	Coefficientes percentuais médios utilizados para a estimação dos efeitos genéticos aditivos diretos e maternos associados às composições raciais e, genéticos não aditivos das heterozigoses diretas e materna, dos principais NABCs presentes no banco de dados.....	48
Tabela 11.	Definição dos componentes de (co)variância e de alguns estimadores e parâmetros genéticos.....	50
Tabela 12.	Médias gerais, coeficientes de determinação (R ² em %) e de variação (CV em %) e, desvios padrão (DP) obtidos nas diferentes características em função dos modelos RM, R e H.....	52

Tabela 13.	Ajustes para classe de idade da mãe ao parto (CIMP) em relação às diferentes características estudadas estimados por diferentes modelos.....	53
Tabela 14.	Estimativas dos efeitos aditivos maternos dos tipos biológicos obtidos pelo modelo RM para as características em estudo.....	56
Tabela 15.	Estimativas dos efeitos aditivos diretos dos tipos biológicos, obtidos pelos modelos RM e R para as características em estudo.....	64
Tabela 16.	Estimativas dos efeitos não aditivos das heterozigoses (Hz) estimados utilizando-se os modelos RM, R e H, para as características em estudo.....	73
Tabela 17.	Estimativas das médias ajustadas pelo método dos quadrados mínimos (LSM) e respectivos erros padrão (EP), e predições pelos diferentes modelos (RM, R, e H) para peso ao nascimento, em função dos grupos genéticos, e ainda as correlações entre LSM e as predições e, as diferenças médias das predições em relação à LSM.....	84
Tabela 18.	Estimativas das médias ajustadas pelo método dos quadrados mínimos (LSM) e respectivos erros padrão (EP), e predições pelos diferentes modelos (RM, R, e H) para peso ao desmame, em função dos grupos genéticos, e ainda as correlações entre LSM e as predições e, as diferenças médias das predições em relação à LSM.....	85
Tabela 19.	Estimativas das médias ajustadas pelo método dos quadrados mínimos (LSM) e respectivos erros padrão (EP), e predições pelos diferentes modelos (RM, R, e H) para peso aos 390 dias, em função dos grupos genéticos, e ainda as correlações entre LSM e as predições e, as diferenças médias das predições em relação à LSM.....	86
Tabela 20.	Estimativas das médias ajustadas pelo método dos quadrados mínimos (LSM) e respectivos erros padrão (EP), e predições pelos diferentes modelos (RM, R, e H) para ganho de peso do desmame aos 390 dias, em função dos grupos genéticos, e ainda as correlações entre LSM e as predições e, as diferenças médias das predições em relação à LSM.....	87
Tabela 21.	Estimativas das médias ajustadas pelo método dos quadrados mínimos (LSM) e respectivos erros padrão (EP), e predições pelos diferentes modelos (RM, R, e H) para perímetro escrotal aos 390 dias, em função dos grupos genéticos, e ainda as correlações entre LSM e as predições e, as diferenças médias das predições em relação à LSM.....	88

Tabela 22.	Estimativas das médias ajustadas pelo método dos quadrados mínimos (LSM) e respectivos erros padrão (EP), e predições pelos diferentes modelos (RM, R, e H) para escore de musculosidade aos 390 dias, em função dos grupos genéticos, e ainda as correlações entre LSM e as predições e, as diferenças médias das predições em relação à LSM.....	89
Tabela 23.	Estimativas dos componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos obtidos a partir dos modelos RM, R e H para a característica peso ao nascimento.....	90
Tabela 24.	Estimativas dos componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos obtidos a partir dos modelos RM, R e H, para peso aos 205 dias.....	91
Tabela 25.	Estimativas dos componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos obtidos a partir dos modelos RM, R e H, para peso aos 390 dias.....	92
Tabela 26.	Estimativas dos componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos obtidos a partir dos modelos RM, R e H, para ganho de peso da desmama aos 390 dias.....	92
Tabela 27.	Estimativas dos componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos obtidos a partir dos modelos RM, R e H , para perímetro escrotal aos 390 dias.....	93
Tabela 28.	Estimativas dos componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos obtidos a partir dos modelos RM, R e H, para escore de musculosidade aos 390 dias.....	94
Tabela 29.	Estimativas médias, desvios padrão (DP), máximos, mínimos, correlações simples e de ordem (ranking) das DEPs dos touros, classificados de acordo com o número de filhos mensurados, obtidas a partir dos diferentes modelos RM, R e H, para peso aos 205 dias.....	95
Tabela 30.	Estimativas médias, desvios padrão (DP), máximos, mínimos, correlações simples e de ordem (ranking) das DEPs dos garrotes da safra 2003, obtidas a partir dos diferentes modelos RM, R e H, para peso aos 205 dias.	96

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	18
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	21
2.1. Raças Compostas.....	21
2.2. Estimativa quantitativa da heterose e da heterozigose.....	24
2.3. Efeitos Aditivos Diretos e Maternos de Raça.....	28
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	32
3.1. Sistema NABC.....	32
3.2. Fazendas e Manejo dos Animais.....	33
3.3. Material.....	35
3.4. Metodologia.....	43
4. RESULTADOS.....	52
4.1. Estatística descritiva.....	52
4.2. Efeito da Idade da Vaca ao Parto.....	53
4.3. Efeitos Aditivos Maternos dos Tipos Biológicos.....	55
4.3.1. Peso ao Nascimento.....	56
4.3.2. Peso ao Desmame.....	58
4.3.3. Peso aos 390 dias.....	59
4.3.4. Ganho de Peso da Desmama aos 390 dias.....	60
4.3.5. Perímetro Escrotal aos 390 dias.....	61
4.3.6. Escore de Musculosidade aos 390 dias.....	63
4.4. Efeitos Aditivos Diretos dos Tipos Biológicos.....	63
4.4.1. Peso ao Nascimento.....	65
4.4.2. Peso ao Desmame.....	66
4.4.3. Peso aos 390 dias.....	68
4.4.4. Ganho de Peso da Desmama aos 390 dias.....	69
4.4.5. Perímetro Escrotal aos 390 dias.....	70
4.4.6. Escore de Musculosidade aos 390 dias.....	71
4.5. Efeitos das Heterozigoses Diretas e Maternas.....	72
4.5.1. Peso ao Nascimento.....	74
4.5.2. Peso ao Desmame.....	76
4.5.3. Peso aos 390 dias.....	77

4.5.4. Ganho de Peso da Desmama aos 390 dias.....	79
4.5.5. Perímetro Escrotal aos 390 dias.....	80
4.5.6. Escore de Musculosidade aos 390 dias.....	82
4.6. Predição do Desempenho dos Grupos Genéticos.....	83
4.7. Estimativas de Componentes de (Co)Variância e Parâmetros Genéticos.....	90
4.8. Diferenças Esperadas na Progenie (DEP) dos modelos RM, R e H.....	95
5. CONCLUSÕES.....	99
6. REFERÊNCIAS.....	100

1. INTRODUÇÃO

A pecuária brasileira é uma pecuária extensiva, de produtividade média e taxa de desfrute de aproximadamente 22%, embora existam rebanhos de alta produtividade e elevados índices zootécnicos. Cerca de 95% dos animais são criados em pastagens e, como causas destes baixos ou médios índices podem-se incluir o alto grau de degradação das pastagens, o controle sanitário incipiente e o pouco uso de melhoramento genético dos rebanhos.

O rebanho brasileiro tem cerca de 65 milhões de vacas e, como os sistemas produtivos usam predominantemente a monta natural, há uma demanda anual acima de 400 mil tourinhos de reposição. Destes, apenas cerca de 20.000 são geneticamente avaliados. Portanto, ao redor de 95% do mercado é atendido por touros não avaliados geneticamente.

Com isto, o touro médio da pecuária brasileira é o “boi de boiada”. Fato assustador para o país líder do mercado mundial de carne bovina, que exporta mais de um milhão e meio de toneladas de carne por ano e fatura cerca de US\$ 20 bilhões com essa fração do agro-negócio.

Atualmente, em função dos atrativos comerciais, os criadores parecem estar mais conscientes da necessidade de utilizar com maior intensidade uma ferramenta de incremento para otimizar os ganhos e eficiência dos rebanhos. Uma opção natural é utilizar o melhoramento genético que é capaz de identificar reprodutores que transmitam características de interesse econômico, possibilitando desta forma mudanças favoráveis no atual cenário da bovinocultura de corte.

Neste sentido o melhoramento genético é realizado explorando-se as diferenças genéticas existentes entre raças e linhagens e as diferenças genéticas existentes entre indivíduos de uma mesma raça ou linhagem, utilizando-se das duas principais maneiras de se fazer melhoramento genético, a utilização da seleção e dos sistemas de cruzamentos entre raças.

No contexto, uma boa alternativa é o bovino composto denominado Montana Tropical[®], que vem sendo desenvolvido no Brasil desde 1994, visando à exploração, em climas tropicais e subtropicais, dos efeitos genéticos de heterose e da complementaridade de raças, com o uso de touros em reprodução a campo.

O programa Montana Tropical[®] de formação de bovinos compostos de corte é um programa que se baseia nos estudos clássicos de formação de bovinos compostos desenvolvidos a partir do fim dos anos 40 no *Roman L. Huskra U.S. Meat Animal Research Center*, U.S.D.A, localizado em Clay Center, Nebraska, Estados Unidos da América, por

pesquisadores como K. E. Gregory, L.V. Cundiff e R.M. Koch. Suas metas para a formação de um composto se apóiam em uma composição racial de no mínimo quatro raças.

Através da formação dos compostos, tenta-se obter vigor híbrido de maneira economicamente viável e com utilização prática e racional dentro do manejo da fazenda, com uso de touros que se reproduzam a campo, sem necessidade de inseminação artificial, num processo capaz de “democratizar” o acesso ao cruzamento e os benefícios da heterose.

O uso de touros compostos pode tornar-se uma poderosa ferramenta de aumento de produtividade, acessível ao criador de baixo e médio uso tecnológico. Os programas de formação de compostos têm sido uma grande novidade da pecuária de corte.

Com base no programa original Montana Tropical[®] as raças foram pré-agrupadas em função de sua origem genética e da sua aptidão zootécnica em quatro grandes tipos biológicos, denominados pela sigla NABC: o grupo N para as raças zebuínas, principalmente a raça Nelore; o grupo A para as raças adaptadas ao clima tropical; o grupo B para as raças européias de origem britânica; o grupo C para as raças européias de origem Continental.

O touro ideal para ser utilizado na pecuária de corte brasileira deve ser geneticamente superior, testado através de programas de avaliação genética; provocar, devido à combinação com os genes das vacas azebuadas, base de nossa pecuária, valores expressivos de heterose na descendência; ser adaptado ao meio-ambiente tropical e subtropical, realizando cobertura a campo, sem necessidade de inseminação artificial; apresentar longevidade reprodutiva em regime de campo, permitindo que o investimento em sua aquisição seja amortizado ao longo da vida útil do touro (aproximadamente cinco anos), sem aumentar o custo de produção das propriedades e tenham preços de aquisição acessíveis e compatíveis com seu valor como provedores da produtividade dos rebanhos, facilitando o acesso de pequenos e médios produtores a esses animais superiores.

No presente estudo, por tratar-se de um bovino composto em formação, as avaliações genéticas são essenciais para o aprimoramento, direcionamento e, sucesso do programa de melhoramento. Um dos itens mais importantes é a avaliação dos diferentes tipos biológicos quanto aos efeitos genéticos diretos e maternos e, os aditivos e não-aditivos.

Finalmente, quando se pretende fornecer animais geneticamente superiores, para uso nas extensas e heterogêneas regiões brasileiras, a comparação não tendenciosa dos candidatos à seleção e a identificação dos indivíduos superiores, depende sobremaneira do tratamento estatístico e genético que as informações receberão durante o processo de avaliação genética.

Assim, os objetivos deste estudo com bovinos puros e mestiços, incluindo várias combinações de tipos biológicos com base no sistema NABC, que caracterizam a população formadora do composto Montana Tropical[®] foram:

- a) analisar os efeitos de alguns fatores de ambiente e genéticos de tipos biológicos sobre o peso ao nascimento, o peso ao desmame, o peso aos 390 dias, o ganho de peso do desmame aos 390 dias, o perímetro escrotal aos 390 dias e o escore de musculosidade aos 390 dias;
- b) estimar os fatores de ajuste aos efeitos de ambientes e genéticos;
- c) quantificar a contribuição genética aditiva direta e materna;
- d) quantificar os efeitos genéticos aditivos e não aditivos;
- e) estimar os parâmetros genéticos para serem utilizados na avaliação genética dos animais mestiços;
- f) quantificar os efeitos dos modelos sobre as DEPs de peso ao desmame.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Raças Compostas

Raças compostas são aquelas formadas pelo cruzamento de duas ou mais raças com o objetivo de explorar a heterose e a complementaridade entre elas e que sejam capazes de manter níveis elevados de heterose nas gerações sucessivas de acasalamentos "inter si". É uma população estável que permite o aproveitamento das diferenças raciais favoráveis e retenção de heterose.

É possível se desenvolver raças compostas por dois sistemas. Em sistemas abertos, que permitem a introdução de novos reprodutores das gerações F_1 e F_2 , ou em sistemas fechados, que a partir da população base que une indivíduos de várias raças ou grupos genéticos é fechado. Neste último são necessários rebanhos de grandes tamanhos, um grande número de reprodutores de cada um dos grupos genéticos originais, com o objetivo de maximizar a variabilidade genética, o tamanho efetivo populacional e a retenção da heterozigose/heterose, evitando-se no futuro a depressão endogâmica.

Segundo Bourdon (1999) são critérios fundamentais para se avaliar o potencial de um composto: a) mérito genético das raças formadoras; b) nível de heterose produzida (retida); c) simplicidade no manejo e nos custos; d) origem das fêmeas de reposição; e) complementaridade entre as raças; f) uniformidade de desempenho; g) acurácia da predição dos valores genéticos.

No contexto das avaliações de raças envolvidas na formação de bovinos compostos, o conhecimento dos efeitos genéticos, diretos e maternos, aditivos ou não aditivos, são condições primárias e essenciais ao programa de cruzamentos, permitindo-se identificar a combinação ótima entre a diversidade genética racial e o número de raças (ABDEL-AZIZ; SCHOEMAN; JORDAAN, 2003).

Nesta órbita vários programas com a mesma natureza estão sendo desenvolvidos no cenário mundial. Um exemplo de bovino composto vem sendo desenvolvido na Austrália, onde procuram combinar as características de resistência ao calor e aos parasitas, com altas taxas de crescimento em clima tropical, o que tem provocado grande interesse e incentivo ao uso de cruzamentos, sobretudo devido ao aproveitamento dos efeitos genéticos aditivos e não aditivos simultaneamente (PRAYAGA, 2003).

Esta estratégia de melhoramento é também utilizada para gado leiteiro. Rutledge (2001) relata que em gado leiteiro há décadas os cruzamentos têm sido feitos nos trópicos,

baseando-se na combinação de raças originadas de clima temperado com raças locais e adaptadas, freqüentemente zebuínas.

Conjuntamente o conhecimento sobre os efeitos genéticos das raças e seus mestiços em diversos climas, com condições na qualidade e disponibilidade de forrageiras, pode ser útil para se identificar a melhor combinação das raças e/ou sistemas de cruzamentos para os mercados existentes (FRANKE et al., 2001) ou em potenciais. No entanto, Prayaga (2003) reporta a limitada existência de trabalhos que tratem sobre tais efeitos com animais cruzados em ambientes tropicais, apesar de existirem muitos resultados para raças de ambientes temperados. Isto pode ser observado no trabalho de revisão de Burrow et al. (2001).

Somando-se a isto, Frisch e Vercoe (1984) e Arthur et al. (1994) comparando as taxas de crescimento de várias raças, afirmam que os resultados obtidos em determinado ambiente não podem ser generalizados para todos os ambientes. E ainda, que em ambientes com a presença de agentes estressantes, como altas umidade e temperaturas, presença de ecto e endoparasitas, freqüente incidência de doenças e o efeito natural das estações climáticas sobre a condição nutricional, afetam significativamente os desempenhos dos diferentes genótipos.

Mais recentemente, Burrow e Prayaga (2004) afirmam que, nos trópicos, a produtividade em gado de corte não depende apenas do potencial genético dos animais, mas também da habilidade dos animais em suportar os agentes estressantes do ambiente que incidem sobre o crescimento e reprodução, sobretudo porque nos trópicos as fontes de variação e a interrelação destes, notadamente são mais incidentes que nos ambientes temperados.

Os procedimentos adotados para identificar ou separar tais efeitos são baseados principalmente em funções de regressões lineares simples ou múltiplas. Com esta finalidade, diversos procedimentos têm sido descritos e usados para separar os efeitos genéticos (DILLARD; RODRIGUEZ; ROBINSON, 1980; ALENDA; MARTIN, 1981; ROBINSON; McDANIEL; RINCON, 1981; SCHOEMAN; VAN ZYL; WET, 1993, SKRYPZECK et al., 2000).

Outro enfoque importante sobre a formação dos compostos são os estudos que determinaram as contribuições ótimas de cada raça em populações multirraciais. Estes iniciaram seu desenvolvimento por Kinghorn (1980) para características simples e por Kinghorn (1982) para várias características. Utilizando metodologia de otimização das composições raciais em populações sintéticas, proposta por Lin (1996), uma evolução da

metodologia original de Kinghorn e desenvolvendo pesquisa em ambiente tropical seco com moderada exposição a carrapatos, no National Cattle Breeding Station “Belmont”, localizada no estado de Queensland (próximo ao paralelo 23° S, na Austrália), Newman et al. (1998), em experimento que se utilizou animais das raças Brahman e Boran (*Bos indicus*), *Bos taurus* africanos (Tuli, uma raça do grupo Sanga), *Bos taurus* europeus (Charolês) e de uma raça composta (Belmont Red) definiram que a composição ótima para um composto de duas raças naquelas condições foi 0,32 *Bos indicus* (Brahman) e 0,68 *Bos taurus* (Charolês) e para um composto de três raças foi 0,28 Brahman, 0,59 Charolês e 0,13 Belmont Red, uma composição semelhante à indicada pelo programa Montana Tropical[®], que também utiliza animais desses três tipos biológicos. Infelizmente aqueles autores não chegaram a valores propostos para compostos de quatro raças.

Segundo Euclides Filho (1999) o uso de raças de animais *Bos taurus* adaptadas, desde que apresentem bom potencial de produção, em cruzamentos com raças zebuínas pode também se constituir em formas bioeconomicamente viáveis para produzirem carne bovina. Este autor cita em seu trabalho, várias evidências experimentais que suportam esta afirmativa, o que dá suporte científico à constituição do grupo biológico adaptado ou grupo dos animais de raças adaptadas.

Ainda de acordo com Euclides Filho (1999) o desenvolvimento de um grupo genético composto pela combinação de animais de raças européias não adaptadas, com a participação de alguma raça européia adaptada de boa fertilidade, precoce, de boa conformação e bom tamanho adulto médio, amplia a possibilidade de uso da heterose estendendo-a aos rebanhos pequenos e médios, ao mesmo tempo em que cria novas opções de cruzamento com a importante participação da monta natural.

A complementaridade de raças é um outro fenômeno onde se consegue reunir em um animal cruzado características das duas raças, transformando o animal cruzado num agregado de alto valor adaptativo e produtivo.

Tal fenômeno é baseado no conceito de que algumas raças se combinam de melhor maneira de que outras e que ainda algumas raças são melhores como "raças paternas" e outras melhores como "raças maternas".

Logo, se uma raça, como a Nelore, é altamente resistente às condições adversas de clima e qualidade de pastagens do Brasil Central e outra raça, como, por exemplo, a Red Angus, tem alta capacidade leiteira entre os bovinos de corte, maior precocidade sexual e melhor ganho de peso, os bezerros cruzados reunirão a rusticidade do Nelore com a habilidade materna de ganho de peso do Red Angus (FERRAZ e ELER, 2005).

2.2 Estimação da heterose e da heterozigose

O termo heterose foi proposto por Shull em 1914 e, de acordo com a definição original, constituía uma medida relativa à média das linhagens paternas, referindo-se assim, a qualquer desvio da aditividade observada nas populações mestiças. Este pode ser também designado por vigor híbrido.

Tais termos podem ser utilizados para caracterizar ou descrever a superioridade média dos filhos em relação à média dos pais de raças ou linhagens puras. Este fenômeno é evidenciado na descendência de acasalamentos de duas linhas endogâmicas ou entre populações de raça pura. Como consequência, os mestiços apresentam desempenhos superiores à média das duas populações parentais, ou ainda, o aumento do vigor da progênie em relação ao dos pais, quando indivíduos não aparentados são acasalados.

A literatura científica tem apresentado resultados do efeito da heterose, geralmente favoráveis, em diversas espécies animais. Por exemplo: em galinhas poedeiras (GAVORA et al., 1996), em frangos de corte (DEEB; LAMONT, 2002), em suínos (CASSADY; YOUNG; LEYMASTER, 2002), em bovinos de corte (GREGORY; CUNDIFF, 1999) e em gado leiteiro (SHARMA; PRABHAKARAN; PIRCHNER, 2000). Em geral, os estudos indicam grandes vantagens em desempenho de animais oriundos de cruzamentos sobre animais de raças puras. Atualmente, grandes esforços têm sido aplicados em estudos de efeitos de cruzamentos sobre características de carcaça (KELLY et al., 1998) e/ou características que incluam ponderações econômicas, inclusive no Brasil (PEROTTO et al., 1998). Técnicas de formação de touros compostos têm sido aplicadas em várias espécies, inclusive em gado de leite no Brasil (MADALENA, 1998, 1999), visando incorporar características importantes do *Bos indicus*, como a resistência a carrapatos (TEODORO; LEMOS; MADALENA, 1998) através de cruzamentos entre raças ou produzindo raças compostas.

É importante ressaltar que, na maioria das vezes, a importância da heterose apresenta-se inversamente proporcional aos coeficientes de herdabilidade da característica analisada.

A geração de heterose depende do grau de dominância e das diferenças nas frequências gênicas das populações utilizadas nos cruzamentos, promovendo assim, a maximização da heterozigose traz por consequência o aumento do vigor produtivo da progênie mestiça em relação ao desempenho dos pais.

Podem-se identificar três tipos de heterose: a) heterose individual ou direta que pode ser observada como o aumento do desempenho da progênie mestiça em relação à média dos pais, que não é atribuível aos efeitos maternos, paternos ou ligados ao sexo; b) heterose materna que pode ser quantificada como heterose na população, entretanto, atribuível à utilização de fêmeas cruzadas ao invés de puras, proporcionada, por exemplo, pela maior produção de leite e melhoria do ambiente intra-uterino durante a fase gestacional e pós-natal; c) heterose paterna que se refere à vantagem na utilização de reprodutores cruzados em alternativa aos reprodutores puros, sobre o desempenho da progênie mestiça.

Uma das explicações dadas para o aparecimento da heterose é a teoria da dominância, em que sejam dominantes e favoráveis na maioria dos locos e, na maioria das mutações recessivas os alelos têm mais efeitos desfavoráveis que favoráveis. Isto porque, considera-se que no heterozigoto os alelos podem ‘competir’ um com o outro, para a determinação do fenótipo, espera-se que na maioria das vezes, o alelo dominante ganhe a competição e determine o fenótipo ou expresse-o com maior intensidade.

É essencial lembrar-se que para ocorrer heterose é necessário que as raças utilizadas nos cruzamentos sejam geneticamente diferentes com o máximo de divergência entre as freqüências gênicas. Segundo Eler (2001) a heterose será máxima quando um alelo estiver fixado na população A ($p=1$ e $q=0$) e o outro estiver fixado na população B ($p'=0$ e $q'=1$). Neste caso, a heterose será dependente apenas dos desvios da dominância.

Notadamente algumas características são aparentemente favorecidas pela heterose, como por exemplos a viabilidade, a sobrevivência e a fertilidade dos animais. De maneira geral, os alelos dominantes possuem efeitos favoráveis, embora não se possa generalizar esta afirmativa de que geram vigor e, os recessivos tendam a reduzi-los.

Utilizando-se como modelo teórico o cruzamento entre dois grupos genéticos divergentes, pode-se mostrar a presença e as alterações nas proporções teóricas de heterozigose nas gerações filiais F_1 e F_2 , considerando a teoria de dominância. Os resultados estão apresentados na Tabela 1.

Pode-se observar que a população mestiça da geração F_2 conservará 50% da heterozigose observada na geração F_1 , portanto, isto indica que a retenção da heterose será também de apenas 50%, pois se sabe que a heterose depende essencialmente da heterozigose. Entretanto, os produtos resultantes do cruzamento de três raças podem apresentar o mesmo grau de heterose que aquele da geração F_1 . Usufruindo ainda do fato de todas as fêmeas utilizadas no segundo cruzamento serem F_1 , permitindo-se assim, utilizar-se a mais alta fração da heterose materna (100%).

Tabela 1. Genótipos e valores genotípicos esperados nas gerações parentais, F₁ e F₂ do cruzamento de duas raças hipotéticas divergentes para dois genes dominantes.

Grupo Genético	Genótipo	Valor Genotípico
Raça ₁	AAbb	1,00
Raça ₂	aaBB	1,00
F ₁	AaBb	2,00
F ₂ (loco A)	$\frac{1}{4} AA + \frac{1}{2} Aa + \frac{1}{4} aa$	0,75
F ₂ (loco B)	$\frac{1}{4} BB + \frac{1}{2} Bb + \frac{1}{4} bb$	0,75
F ₂ (geral)	-	1,50

Outra explicação teórica é baseada na sobredominância, quando se sugere que o heterozigoto (Aa) é superior a qualquer um dos homozigotos (AA ou aa). Adicionalmente, por este fenômeno, o híbrido é mais adaptável e produtivo, porque possui maior versatilidade bioquímica, como por exemplo, maior número de tipos de sistemas enzimáticos.

Em geral, as teorias de dominância e sobredominância têm as mesmas expectativas teóricas e são complementares. Assim como, o vigor híbrido será diminuído com a endogamia, pois esta tende a diminuir a heterozigose e aumentar a frequência de genótipos homozigotos, apesar de não alterar as frequências gênicas quando se consideram grandes populações na ausência de seleção.

Os efeitos epistáticos compõem uma outra teoria, em que a interação de alelos em locos diferentes resulta em efeito mais favorável do que aqueles situados no mesmo gene. Assim, a heterose pode ser consequência dos efeitos de diferentes genes, de qualquer uma das raças paternas, interagindo nos cruzamentos. Entretanto, argumenta-se que as interações gênicas favoráveis observadas nas populações de raças puras ou linhagens poderão ser perdidas ou “quebradas” com o avanço das gerações sucessivas de acasalamento entre mestiços, causando perda por recombinação (Dickerson, 1973).

Afirma-se que a perda por epistasia em cruzamento representa a quebra das interações favoráveis entre locos que existiam nos animais puros, interações que têm sido “construídas” por seleção natural e artificial dentro de raças (KOCK et al., 1985).

De acordo com Eler (2001) utilizando uma forma mais simples pode-se estimar a heterose facilmente como a diferença da média dos animais F₁ em relação à média das raças paternas puras. Na estimação da heterose individual (H_i), basta conhecer-se os desempenhos das raças parentais e dos mestiços das gerações F₁, produtos do cruzamento dialélico entre as

raças A e B. Assim tem-se: $H_i^{AB} = \frac{1}{2}[(\mu_{AB} + \mu_{BA}) - (\mu_{AA} + \mu_{BB})]$. Para estimar a heterose materna (H_m) são necessários cruzamentos de fêmeas de duas raças puras e fêmeas da geração F_1 com machos de uma terceira raça. Assim, a estimação da H_m é realizada com base no desempenho das progênies das raças puras e das progênies F_1 , como:

$$H_m^{AB} = \frac{1}{2}[(\mu_{D(AB)} + \mu_{D(BA)}) - (\mu_{DA} + \mu_{DB})]$$

O desenvolvimento de sistemas de cruzamentos entre raças está baseado na aplicação dos conceitos de dominância, sobredominância e epistasia, os quais objetivam atingir e permitir o aproveitamento máximo da heterose para as características de interesse econômico. Como resultados práticos e ilustrativos podem-se utilizar os obtidos por Gregory, Cundiff e Koch (1995a, b, c) num programa de avaliação de germoplasmas de raças bovinas. Estes autores desenvolveram um experimento de longa duração, com base em vários cruzamentos entre raças bovinas com potenciais para produção de carne nos EUA. Um resumo destes resultados pode ser visualizado na Tabela 2.

Tabela 2. Grau máximo de retenção de heterosigose em relação às F_1 e, ganho estimado para peso a desmama de bovinos de corte.

Sistema de Cruzamento	Retenção de Heterose (%)	Ganho Estimado (%)
Raças Puras	0,0	0,0
Rotacional 2 raças	66,7	15,5
Rotacional 3 raças	85,7	20,0
Rotacional 4 raças	93,3	21,7
Composto 2 raças	50,0	11,6
Composto 3 raças	65,6	15,3
Composto 4 raças	75,0	17,5
Composto 5 raças	78,1	18,2
Composto 6 raças	81,3	18,9
Composto 7 raças	85,2	19,8
Composto 8 raças	87,5	20,4

Adaptado de Gregory e Cundiff (1999).

Para estimar a heterose retida para um determinado grupo de animais mestiços, pode-se aplicar uma expressão desenvolvida por Vencovsky (1987), citado por Ramalho et al.

(2000). A expressão é a seguinte: $\bar{M}_C = [X]*[Y]$, em que: \bar{M}_C é a média esperada na população C descendente do cruzamento e, X e Y são as proporções da contribuição de cada um dos grupos genéticos utilizados no cruzamento para produzir a população C. Aplicando-se a expressão acima é possível verificar em seus resultados parciais, a forma com que os alelos estão combinados na população mestiça, sendo a soma daqueles que apresentam-se em heterozigose, a fração retida da heterose.

2.3 Efeitos Aditivos Diretos e Maternos de Raça

Os estudos clássicos de Dickerson deram origem e direção aos procedimentos que atualmente são utilizados na estimação dos efeitos aditivos e não aditivos. Examinando o desempenho das raças puras, das gerações F₁, F₂ e outras mais avançadas dos cruzamentos, é possível separar e estimar os vários efeitos genotípicos que influenciam o desempenho dos animais (DICKERSON, 1969, 1973). Dentre estes efeitos estão aqueles de origem aditiva e não aditiva.

Pode-se definir efeito aditivo como a ação individual de cada um dos diferentes alelos sobre uma característica em especial. A somatória dos efeitos individuais resulta no componente genético aditivo peculiar ao animal ou à raça. Para Cunningham (1987) esse componente do desempenho do animal para uma característica é resultado da ação aditiva média dos pais ou das raças envolvidas.

No desenvolvimento de raças compostas um dos principais interesses é o aproveitamento da complementaridade entre raças, que surge do componente aditivo. Para tanto é importante se conhecer o potencial aditivo de cada uma das raças, para as características de interesse econômico nos diferentes mercados e regiões e, prever ou identificar a combinação ótima entre o número de raças e a proporção ideal de cada uma delas.

No Brasil, Barbosa e Duarte (1989) afirmaram que apenas um trabalho havia sido publicado com o interesse de separar os efeitos aditivos e não aditivos, possivelmente pela condição dificultosa de manterem-se vários grupos genéticos por mais de uma geração em condições experimentais.

Alguns autores (ARTHUR; HEARNshaw; STEPHENSON, 1999; FRIES et al., 2000) sugerem que a perda por epistasia deve ser adicionada ao modelo aditivo-dominante, para fornecer melhor explicação da variabilidade genética entre animais de diferentes

composições raciais. Porém, estudos que estimem a dominância e a perda por epistasia em gado de corte não são abundantes, especialmente com dados de campo (ROSO et al. 2005).

Num trabalho de revisão, Gregory e Cundiff (1999) encontraram retenção importante de heterose para todas as características de crescimento em animais pertencentes a gerações avançadas, incluindo F₃ e F₄. Nestas gerações, a heterose para peso ao nascimento de 2,3 kg e 2,3 kg, para peso ao desmame de 14,7 kg e 15,3 kg. E para peso aos 368 dias de 23,6 kg e 27,1 kg, foram observadas respectivamente para fêmeas e machos. Os mesmos autores relatam ainda que a oportunidade para utilizarem-se tais efeitos é subsidiada pela grande variabilidade que pode ser encontrada nas raças puras, pois foram observadas diferenças importantes quando compararam nove raças utilizadas na formação de animais compostos, de seis ou mais desvios padrão genéticos. Neste caso, as raças britânicas, em geral, foram mais leves e baixas em todas as idades, porém apresentaram altos escores de condição corporal. Houve também grandes diferenças entre as raças continentais para estas características.

Mais recentemente com propostas de metodologias alternativas, como o uso de regressões parciais associadas à composição racial, os estudos têm se tornado mais práticos. Diversos autores, tais como Dillard, Rodriguez e Robinson (1980), Arthur et al. (1994), Alencar et al. (1995); Ferraz, Eler e Golden (1999a, 1999b), Perotto, Abrahão e Cubas (1999); Dal-Farra, Roso e Schenkel (2002), Prayaga (2003, 2004), Teixeira (2004); Mourão et al. (2005), vêm utilizando tal procedimento.

O relato de Gregory et al. (1991) sugere que a retenção de heterose é linearmente proporcional à heterozigose e, tal relação foi verificada por Arthur, Hearnshaw e Stephenson (1999) e por Fries et al. (2000).

As metodologias para modelagem genético-matemática no estudo de populações cruzadas e estimação de componentes de variância e de valores genéticos aditivos, são inúmeras e surgiram após os trabalhos pioneiros de Henderson. Dickerson (1973) já definia as bases da importância da endogamia e da heterose no desempenho dos animais, discutindo conceitos como depressão pela endogamia e perdas por recombinação. Mais recentemente, em importante revisão a respeito de predição de desempenho de animais cruzados, Eisen (1989) definiu modelos genéticos que explicam esses fenômenos, resumindo as bases para os modelos matemáticos que se seguiram.

Os primeiros modelos de análises de dados oriundos de cruzamentos de animais foram derivados por Robinson et al. (1981), a partir de modelos já utilizados em análises de dados de plantas. Outros modelos matemáticos utilizados nas análises dos complexos dados de desempenho dos animais compostos tiveram origem no trabalho de Arnold, Bertrand,

Benyshek (1992), que baseado nas metodologias proposta por Elzo e Bradford (1985) e Elzo e Famula (1985), utilizaram modelos mistos na avaliação de dados de animais cruzados. Estes trabalhos já consideravam a composição racial como covariável nos modelos.

Mais tarde, Golden, Bourdon e Snelling (1994) evoluíram essa metodologia e as propostas de Westell (1984), anexando aos modelos os grupos genéticos aditivos para animais com pais desconhecidos, mas com origem em alguma raça conhecida, fazendo com que suas predições de valores genéticos fossem desvios desses grupos e não de zero, o que alterou sobremaneira o estudo de tendências genéticas. Procedimentos de agrupamento dos animais com genealogia desconhecida foram também adotados no Brasil recentemente (PEROTTO et al., 1998).

A aplicação dessas metodologias em análises de dados de formação de compostos foi feita na University of Nebraska por Rodriguez-Almeida et al. (1997), avaliando-se os dados de Clay Center, por ocasião da formação dos compostos MARC I, MARC II e MARC III, revelando a aplicabilidade das metodologias. Diferentes visões do problema, mas sempre utilizando metodologias que se assemelham nos conceitos básicos, como a utilização de regressões das composições raciais para levar-se em consideração os efeitos de raças e de heterozigose, podem ser encontrados em inúmeros estudos, sejam de estimação de componentes de variância em cruzamentos realizados no Canadá (CREWS e KEMP, 1998), estudos de ultra-som e qualidade de carcaça realizados também no Canadá (ROBINSON et al., 1998), no "super-breed approach" de Miller e Goddard (1998), em áreas subtropicais dos Estados Unidos (ELZO; WAKEMAN; DIXON, 1998) e até mesmo no Brasil, em estudo de raças sintéticas com Nelore e Angus (ROSO e FRIES, 1998).

Em revisão essencial ao entendimento dos modelos de análise utilizados em avaliações genéticas de populações cruzadas e compostas, Pollak e Quaas (1998) apresentaram importantes indicações de como os modelos deveriam ser construídos, seguindo as bases lançadas por Robison et al. (1981). Segundo esta revisão, os modelos devem ter as seguintes particularidades:

a) considerar que as observações são funções lineares dos efeitos aditivos de raça (para efeitos diretos e maternos) e efeitos de combinações de raças (heterose para efeitos diretos, maternos e paternos);

b) os efeitos de raça são regressões da fração dos genes representados em um indivíduo, para aquela raça, com genes se originando separadamente dos pais e das mães;

c) os efeitos maternos de cada raça devem ser incluídos e serão regressões sobre frações dos genes das mães representando cada raça;

d) os efeitos de heterose para as expressões de efeitos diretos e maternos de uma característica devido à dominância;

e) são regressões das porcentagens de heterozigose dos loci do indivíduo ou mãe, com alelos de diferentes raças.

A última particularidade descrita por Pollak e Quaas (1998) corresponde exatamente às heterozigoses como porcentagens de cruzamento ou “outcrossing percentages”, constantes freqüentemente dos modelos de análise de dados de animais compostos.

Há que se ressaltar que o objetivo dessas análises é obter a melhor estimativa possível do valor genético aditivo dos animais, de forma a viabilizar o acesso à melhor ferramenta disponível para o processo de seleção. Porém, o problema de estimação de valores genéticos em programas de cruzamento é um dos desafios à genética animal moderna e está sendo estudado em vários centros do mundo (FERRAZ e ELER, 2005).

Muitos detalhes a respeito de metodologias de estimação de parâmetros e valores genéticos, bem como de efeitos de raças em cruzamentos podem ser encontrados em Robison et al. (1981), Notter e Cundiff (1991), Arnold, Bertrand, Benyshek (1992), Van Vleck; Hakim; Cundiff (1992), Arthur et al. (1994), Meyer et al. (1994), Van Vleck e Cundiff (1994), Rodriguez-Almeida et al. (1997), Elzo e Wakeman (1998), Elzo, Wakeman e Dixon (1998), Fernando (1999), Ferraz et al. (1999), Hayes, Newman e Shepherd (2000), Franke et al. (2001), Magaña e Segura-Correa (2001), Roughsedge et al. (2001), Arango, Cundiff e Van Vleck (2002), Dominguez-Viveros et al. (2003) e Montaldo e Kinghorn (2003).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Sistema NABC

A estratégia de agrupar as raças utilizadas nos tipos biológicos tem algumas pressuposições que podem ser consideradas desvantajosas, tais como: a) sacrificar as estimativas dos efeitos específicos das raças, pois existe a pressuposição básica de que não existem diferenças pronunciadas entre raças que compõem o mesmo tipo; b) considerar que a heterose existente nos cruzamentos entre animais de dois grupos seja a mesma, por exemplo, a heterose existente entre os cruzamentos Nelore x Red Angus é considerada de igual magnitude da heterose resultante no cruzamento Boran x Red Poll, ou então a heterose de um cruzamento Angus x Caracu é a mesma do cruzamento South Devon x Tuli.

Estas pressuposições, embora não totalmente adequadas sob o rigor científico, permitem reduzir drasticamente o número de covariáveis, de algumas centenas, pois existem pelo menos 30 raças representadas em algum grau na população estudada, para pouco mais de uma dezena, a princípio. Embora imperfeitas, são bastante razoáveis e devem induzir a menores erros que aqueles que aconteceria ao utilizarem-se as covariáveis possíveis de para todos os cruzamentos entre raças, quando surgiriam incontáveis dependências e confundimentos dos grupos de composição racial com os grupos de contemporâneos. Neste caso, muitos destes grupos teriam soluções não estimáveis, o que prejudicaria significativamente a qualidade das estimativas dos efeitos genéticos aditivos e não aditivos.

A técnica de classificar as raças utilizadas em grupos por tipos biológicos é uma extrapolação dos resultados dos estudos de Clay Center, relatados por inúmeros trabalhos, como os de Gregory e Cundiff (1980), Koch, Cundiff e Gregory (1989), Cundiff, Gregory e Koch (1993), Gregory et al. (1993), Cundiff et al. (1997), Gregory e Cundiff (1999). Esses trabalhos, desenvolvidos dentro do GPE (*Germplasm Evaluation Program*) e GPU (*Germplasm Utilization Program*), programas básicos de pesquisa de Clay Center, definiram as bases para formação de compostos, como também a heterose que seria retida nesses compostos. Pelo estudo detalhado dessas pesquisas, pode-se verificar que o desempenho dos animais de cada raça estudada naquele centro pode ser agrupado, segundo a sua origem geográfica, pois elas foram selecionadas durante longo tempo, provavelmente séculos, para necessidades regionais. Assim, o agrupamento das raças nos tipos biológicos N, A, B e C, como utilizado no presente estudo é considerado racional.

Segundo Ferraz, Eler e Golden (1999b) esta classificação em tipos biológicos é aplicada no desenvolvimento do composto Montana Tropical[®] da seguinte maneira:

TIPO BIOLÓGICO N: animais da raça *Bos taurus indicus*, os zebuínos, incluindo-se as raças adaptadas no Brasil, como a Gir, Guzera, Indubrasil, Nelore, Tabapuã e outros zebuínos de origem africana, como o Boran. Estas raças apresentam alta rusticidade, resistência aos parasitas e, bom rendimento de carcaça e são representadas principalmente por vacas da raça Nelore;

TIPO BIOLÓGICO A: bovinos de origem não zebuína adaptados aos trópicos, através de seleção natural ou artificial. Este grupo inclui as raças Afrikander, Belmont Red, Bonsmara, Caracu, Romo-Sinuano, Senepol e outras. Animais destas raças têm alto grau de adaptabilidade ao clima tropical e fertilidade, além de algumas boas características relacionadas à qualidade de carne.

TIPO BIOLÓGICO B: taurinos de origem britânica, como as raças Aberdeen Angus, Devon, Hereford, Red Angus, Red Poll, South Devon, etc. Estas raças contribuem com a precocidade sexual e de acabamento, além de características de conformação frigorífica, qualidade de carcaça, de carne e de crescimento;

TIPO BIOLÓGICO C: taurinos da Europa Continental, incluindo as raças Charolesa, Gelbvieh, Limousin, Pardo-Suiço, Simental, etc. Estas raças têm alto potencial de crescimento, de rendimento e de qualidade de carcaça.

3.2. Fazendas e Manejo dos Animais

As fazendas de criação contam com infra-estrutura adequada de pastagens e demais instalações. Cada fazenda conta ainda com máquinas e implementos agrícolas em quantidades suficientes para as práticas de manejo de pastagens e de animais existentes. Tais fazendas estão distribuídas em diversos estados e regiões do Brasil (Figura 1).



Figura 1. Distribuição geográfica das fazendas integrantes do programa Montana Tropical[®]

As propriedades podem ser todas caracterizadas como propriedades de alto padrão em tecnologia pecuária e seus sistemas administrativos suportam o nível de controle zootécnico e fluxo de informações exigido para o programa de melhoramento. Além disto todas as fazendas integrantes do programa adotam um mesmo sistema informatizado de colheita de dados, o que oferece muito mais consistência ao processo de concentração das informações.

O manejo dos animais quanto aos aspectos higiênico-sanitários seguem todas as recomendações técnicas básicas relativas às vacinações e vermifugações dos animais. O estado sanitário dos animais é mantido no mais alto nível possível.

O manejo alimentar normalmente restringe-se ao fornecimento de pastagens de boa qualidade nutricional e suplementação mineral adequada, seguindo as necessidades de cada fazenda. Quando ocorre qualquer atividade de manejo diferenciado, isto é feito sem descaracterizar os grupos de manejo, ou seja, todos os animais de um lote ou grupo são sempre submetidos ao mesmo tratamento.

O manejo reprodutivo dos animais envolve controle das condições sanitárias e do desenvolvimento reprodutivo dos animais jovens. Os touros jovens entram em reprodução após rigorosos exames clínico e andrológico que comprovem suas condições adequadas de fertilidade.

Existem três tipos básicos de sistemas reprodutivos: inseminação artificial, onde todos os acasalamentos são perfeitamente identificados e somente doses de sêmen de touros de alta qualidade genética são utilizadas. Esta prática é largamente utilizada nos rebanhos e serve-se não apenas à utilização em grande escala dos melhores touros da empresa, como também para introdução de material genético de qualidade superior. Neste caso, a empresa franqueadora, a CFM Leachman Pecuária Ltda. define as quantidades totais de acasalamentos por raça de touros e os tipos biológicos das vacas a serem inseminadas e os franqueados escolhem as matrizes; monta natural controlada: os acasalamentos são identificados e o controle zootécnico identifica com precisão os animais. Este sistema é especialmente útil no teste de novos tourinhos; monta natural com reprodutores múltiplos: neste sistema um lote de vacas é colocado em uma pastagem com um número de touros perfeitamente conhecidos e identificados, de tal forma que os bezerros nascidos daquelas vacas serão, obrigatoriamente, filhos dos reprodutores do lote especificado como "Reprodutor Múltiplo" ou "RM". As datas de cobertura não são controladas. Todos os touros do grupo de reprodutores múltiplos devem, necessariamente, ter a mesma composição racial e conhecida.

A fim de se garantirem as classificações cruzadas necessárias à exclusão ou redução das dependências existentes entre os grupos contemporâneos e os grupos de composição racial, cerca de 5% dos acasalamentos são feitos de forma diferenciada, sempre com a utilização de touros de referência, na maioria das vezes escolhidos dentre touros de alto padrão da raça Nelore.

3.3. Material

Os dados de pesos ao nascer (PESNAS), ao desmame (PES205) e aos 390 dias (PES390), de ganho de peso da desmama aos 390 dias (GP185), perímetro escrotal aos 390 dias (CE390) e escore para musculosidade aos 390 dias (MUSC390) de bovinos compostos Montana Tropical[®], com diferentes composições raciais NABCs, foram obtidos em fazendas situadas em vários estados e regiões do país (Tabela 3), como apresentado anteriormente, relativos aos animais nascidos no período de 1994 a 2003.

Tabela 3. Informações e localização referentes às fazendas de nascimento dos animais, incluindo as frequências absolutas e relativas, quanto à participação no número de animais.

Fazenda de Nascimento				Frequência	Frequência
Código	Nome	Cidade	UF	Absoluta	Relativa (%)
SO	Someco	Ivinhema	MS	26.878	16,12
MK/MA	Madeiral	Presidente Epitácio	SP	11.999	7,19
CP	Campanario	Caarapó	MS	10.218	6,13
LA/LG	Lageado	Dois Irmãos do Buriti	MS	9.990	5,99
FB	Barra	Aporé	GO	9.921	5,95
RG	Posses	Guaraci	SP	9.562	5,73
GU	Guariroba	Pontes Gestal	SP	9.343	5,60
XK	Xavantes	Santa Rita do Pardo	MS	9.030	5,41
AF/SJ	São José	Pelotas	RS	5.236	3,14
UN	Derribadinha	Carlos Chagas	MG	5.069	3,04
MP	San Francisco	Miranda	MS	4.554	2,73
FN	Juscelândia	Britânia	GO	4.451	2,67
CD	Cadeado	Rio Brilhante	MS	4.341	2,60
SV	Santa Virginia	Ponta Porã	MS	4.309	2,58
IP	Iporanga	Mutonópolis	GO	4.303	2,58
IS	Planalto	Conceição das Alagoas	MG	3.464	2,08
LR	Pinido	Navirai	MS	3.305	1,98
ZT	Sto Antonio da Grama	Pirajui	SP	3.001	1,80
GR	Gruta	Pelotas	RS	2.856	1,71
BT	São Bento	Alta Floresta	MT	2.711	1,63
SM	São Miguel	Guarapari	ES	2.685	1,61
ES	Estrela	Jaraguari	MS	2.574	1,54
V5	Codora	Santa Izabel	GO	2.483	1,49
DF	Don Florentino	Santana do Livramento	RS	1.872	1,12
CR	Capão Redondo	Pelotas	RS	1.839	1,10
FU	União	Sul do Pará	PA	1.803	1,08

Continua

continuando

Fazenda de Nascimento				Frequência	Frequência
Código	Nome	Cidade	UF	Absoluta	Relativa (%)
AR	Aracangua	Araçatuba	SP	1.412	0,85
TJ	Tambataja	Alta Floresta	MT	1.314	0,79
PG	Paragua	Comodoro	MT	1.113	0,67
NM	Núcleo Montana	Pontes Gestal	SP	889	0,53
CI	Chimarrão	Anastácio	MS	614	0,37
AL	Alegria	Rio Brillhante	MS	504	0,30
JV	Santa Jovita	Santana do Livramento	RS	337	0,20
PQ	Passa Quatro	Rio Brillhante	MS	290	0,17
FS	Santa Fé	Santana do Livramento	RS	277	0,17
SQ	São Joaquim	Paranaita	MT	266	0,16
TI	Três Irmãos	Cerejeiras	RO	216	0,13
TP/AC		Outras		83	0,05
TOTAL				166.764	100,00

A medida do escore de musculosidade é feita utilizando-se uma escala subjetiva (1 a 6), sendo os maiores escores correspondentes às melhores musculosidades.

Para a edição dos arquivos, partiu-se de uma base de dados com informações referentes à cerca de 250.00 animais com alguma medida válida, a partir do qual foram eliminadas as informações referentes aos animais:

- a) com pais ou mães desconhecidos ou filhos de RM;
- b) pertencentes aos grupos de contemporâneos (GCs) com menos de cinco animais com mensurações válidas e/ou pertencentes aos GCs em que os animais eram filhos de apenas um touro;
- c) pertencentes aos GCs formados por apenas uma composição racial;
- d) informações pertencentes aos animais com composição racial não compatível com as dos pais ou que excedessem mais de 5% de erro em uma ou mais frações da composição racial;
- e) informações fora de amplitude aceitável, neste caso, que se apresentavam além do intervalo da média, mais ou menos de três desvios padrão da característica. Observe os mínimos e máximos aceitáveis (Tabela 4).

A definição dos grupos de contemporâneos (GC) foi realizada combinando-se a safra de nascimento, o sexo do bezerro, a fazenda e o grupo de manejo do animal nas respectivas fases de mensuração.

Tabela 4. Mínimos e máximos aceitáveis das medidas e idades de obtenção de medida para a manutenção da informação no banco de dados para as características estudadas.

Característica	Medida Aceitável*		Idade Aceitável	
	Mínima	Máxima	Mínima	Máxima
PESNAS (kg)	23	42	-	-
PES205 (kg)	103	275	150	280
PES390 (kg)	127	397	310	480
GP185 (kg)	-36	174	-	-
CE390 (cm)	16,5	39,0	310	480
MUSC390 (pontos)	0,67	6,90	310	480

*Valores previamente ajustado para idade à mensuração

As informações de idade da vaca ao parto foram utilizadas nas análises, agrupando-as nas denominadas classes de idade da mãe ao parto (CIMP), definidas na Tabela 5.

Tabela 5. Critérios utilizados para agrupar as idades das mães ao parto em classes, denominadas CIMP.

Classe da Mãe ao Parto (CIMP)	Idade (meses)	
	Mínima	Máxima
1	-	≤27
2	>27	≤41
3	>41	≤59
4	>59	≤119
5	>119	≤143
6	>143	≤167
7	>167	-

Para maior clareza na apresentação do banco de dados e futuras inferências, os animais foram classificados em função de sua composição racial, que tomou como base o sistema NABC. Os critérios utilizados nesta classificação estão apresentados na Tabela 6.

Tabela 6. Critérios utilizados para classificar os animais em grupos genéticos em função da composição racial do sistema NABC.

Grupo Genético	NABC	Condições Necessárias
$\frac{3}{4}$	X X 12 X	60% > B < 90%
	12 X X X	60% > N < 90%
Montana Tropical [®]	4 4 4 4	18,75% < N < 31,25% e 18,75% < A < 31,25% e 18,75% < B < 31,25% e 18,75% < C < 31,25%
	4 4 8 0	18,75% < N < 31,25% e 18,75% < A < 31,25% e 43,75% < B < 56,25% e C > 6,25%
	4 8 0 4	18,75% < N < 31,25%, 43,75% < A < 56,25%, B > 6,25% e 18,75% < C < 31,25%
	4 8 4 0	18,75% < N < 31,25%, 43,75% < A < 56,25%, 18,75% < B < 31,25% e C > 6,25%
	X X X X*	N < 37,5% e 12,5% ≤ A ≤ 87,5% e B ≤ 75% e C ≤ 75% e (N+A) ≥ 25% e (B+C) ≤ 75%
Puro	16 0 0 0	N ≥ 90%
	0 0 16 0	B ≥ 90%
F ₁	8 8 0 0	40% ≥ N ≤ 60% e 40% ≥ A ≤ 60%
	8 0 8 0	40% ≥ N ≤ 60% e 40% ≥ B ≤ 60%
	8 0 0 8	40% ≥ N ≤ 60% e 40% ≥ B ≤ 60%
Outros	X X X X	Toda composição que não atenda nenhuma das condições acima;

*Toda composição que não atenda a nenhuma das condições anteriores para Montana Tropical[®];

A partir desta classificação observa-se na Tabela 7 a frequência de animais com informações em função dos grupos genéticos, e o número total de GCs para cada característica avaliada neste estudo.

O esquema geral de formação dos animais compostos Montana Tropical[®], pode ser observado na Figura 2.

Tabela 7. Frequência absoluta de informações para as características no banco de dados em função dos principais grupos genéticos.

Grupo Genético	PESNAS	PES205	GP185	PES390	CE390	MUSC390
3/4B	2.855	1.876	533	743	294	495
3/4N	1.881	2.170	543	565	104	389
4444	11.497	10.869	5.192	5.692	2.809	5.572
4480	3.125	2.681	1.507	1.634	718	1.541
4804	15.933	13.753	6.649	7.173	3.030	6.766
4840	33.153	32.612	17.078	17.876	8.213	17.018
B	1.713	1.028	218	364	171	221
MONT	31.235	27.288	12.611	13.521	5.956	12.385
N	2.047	1.225	111	113	42	45
NxA	2.394	1.709	540	629	121	499
NxB	32.271	29.836	8.297	9.339	1.058	7.045
NxC	5.114	5.407	1.123	1.316	174	913
OUTROS	7.864	6.801	2.251	2.445	633	1.881
Total de Animais	151.083	137.257	56.653	61.410	23.323	54.770
Total de GCs	1.437	2.120	1.824	1.909	820	1.667

Pode-se observar na Tabela 8 a composição genética média dos animais em função do sistema NABC para cada grupo genético.

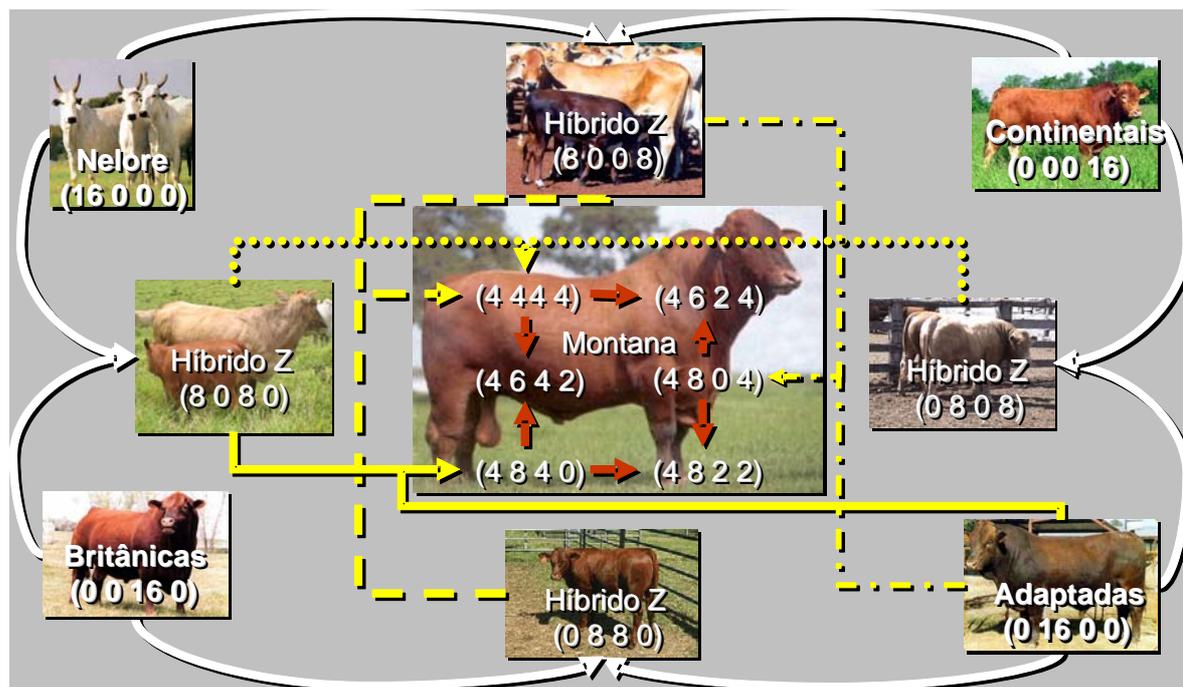


Figura 2. Esquema de formação dos animais compostos Montana Tropical[®].

Tabela 8. Participação genética média e desvio padrão (DP) de cada tipo biológico do sistema NABC, em porcentagem, de acordo com o grupo genético.

Grupo Genético	Composição Média (DP)			
	N	A	B	C
3/4B	9,9 (13,1)	0,9 (4,2)	74,1 (7,8)	15,1 (10,6)
3/4N	72,2 (8,0)	7,0 (10,1)	11,2 (10,3)	9,6 (10,0)
4444	25,0 (0,4)	25,0 (0,1)	25,0 (0,4)	25,0 (0,6)
4480	24,9 (0,5)	25,0 (0,0)	50,0 (0,6)	0,0 (0,4)
4804	25,0 (0,4)	50,0 (0,0)	0,0 (0,1)	25,0 (0,4)
4840	25,0 (0,3)	50,0 (0,0)	25,0 (0,3)	0,0 (0,2)
B	0,0 (0,5)	0,0 (0,3)	99,6 (1,5)	0,3 (1,4)
MONT	23,3 (10,5)	43,8 (18,1)	21,7 (15,6)	11,3(9,1)
N	99,9 (0,9)	0,0 (0,0)	0,1 (0,5)	0,1 (0,6)
NxA	49,6 (1,6)	50,0 (0,3)	0,2 (1,1)	0,2 (1,0)
NxB	49,9 (0,7)	0,0 (0,3)	50,0 (0,6)	0,0 (0,5)
NxC	50,0 (0,4)	0,0 (0,2)	0,1 (0,8)	49,9 (0,7)
OUTROS	35,4 (16,1)	10,5 (20,5)	32,4 (16,7)	21,7 (14,7)

Pode-se averiguar na Tabela 9 a frequência e a composição genética média dos reprodutores que deram origem aos animais deste estudo, em função do sistema NABC para cada grupo genético.

Tabela 9. Frequência absoluta de touros, participação genética média e desvios padrão (DP) de cada tipo biológico do sistema NABC, em porcentagem, de acordo com o grupo genético à que o touro pertence.

Grupo Genético do Touro	Número de Touros	Composição Média (DP) do Touro			
		N	A	B	C
3/4A	24	13,5 (7,1)	70,3 (6,2)	9,8 (7,7)	6,4 (7,3)
3/4B	34	16,5 (17,8)	3,7 (8,4)	70,2 (9,6)	9,6 (10,7)
3/4C	5	32,5 (11,2)	0,0 (0,0)	0,0 (0,0)	67,5 (11,2)
3/4N	5	76,9 (4,2)	0,0 (0,0)	13,1 (12,6)	10,0 (13,7)
4444	40	25,0 (0,0)	25,0 (0,0)	25,0 (0,0)	25,0 (0,0)
4480	10	25,0 (0,0)	25,0 (0,0)	50,0 (0,0)	0,0 (0,0)
4804	51	25,0 (0,0)	50,0 (0,0)	0,0 (0,0)	25,0 (0,0)
4840	60	25,0 (0,0)	50,0 (0,0)	25,0 (0,0)	0,0 (0,0)
A	159	0,0 (0,0)	100,0 (0,0)	0,0 (0,0)	0,0 (0,0)
AxB	32	0,0 (0,0)	50,0 (0,0)	49,4 (1,9)	0,6 (1,9)
AxC	6	1,0 (2,6)	50,0 (0,0)	0,0 (0,0)	49,0 (2,6)
B	138	0,0 (0,0)	0,0 (0,0)	100,0 (0,5)	0,0 (0,5)
BxC	13	0,7 (2,6)	0,0 (0,0)	49,5 (1,7)	49,8 (0,9)
C	53	0,0 (0,0)	0,0 (0,0)	0,0 (0,0)	100,0 (0,0)
N	175	100,0 (0,0)	0,0 (0,0)	0,0 (0,0)	0,0 (0,0)
NxA	1	50,0 (0,0)	50,0 (0,0)	0,0 (0,0)	0,0 (0,0)
NxB	6	49,0 (2,6)	0,0 (0,0)	51,0 (2,6)	0,0 (0,0)
NxC	1	50,0 (0,0)	0,0 (0,0)	0,0 (0,0)	50,0 (0,0)
XXXX	68	25,6 (13,5)	36,0 (14,1)	26,9 (13,0)	11,5 (9,3)

3.4. Metodologia

Normalmente recomenda-se que sejam realizados ajustes aditivos, estimados previamente por polinômios ordinários, para as diferentes características em função da idade do bezerro, como efeito linear e, idade da mãe do bezerro como efeito quadrático, para que se possam comparar adequadamente os animais candidatos. Entretanto, a literatura (PAZ et al., 1999; PAZ; ALBUQUERQUE; FRIES, 2002; MOURÃO et al. 2004) evidencia que o uso de ajuste linear não é capaz de remover adequadamente toda a variação devida a estes efeitos. Os autores ainda propõem o uso da técnica de polinômios segmentados para se estimar os fatores de correção, em função do comportamento não linear do efeito de idade do animal. Seguindo-se estas recomendações, as informações foram previamente ajustadas para idade utilizando-se a técnica dos polinômios segmentados.

Os dados foram analisados por meio da metodologia dos quadrados mínimos, utilizando-se o procedimento GLM do programa para análises estatísticas SAS (SAS Institute Inc., Cary, NC). Para a avaliação dos efeitos ambientais e genéticos, aditivos e não aditivos, três modelos foram desenvolvidos.

Para evitar problemas de multicolinearidade, restrições foram impostas para remover a singularidade entre os tipos biológicos maternos e individuais, causada principalmente pela somatória das composições igualar-se invariavelmente a um (1,0), realizando-se para tanto, as exclusões dos efeitos aditivos direto e materno, relacionados ao tipo biológico N. Tal procedimento permite a estimação dos efeitos dos grupos adaptados (A), Britânicos (B) e continentais (C) como desvios dos efeitos aditivos correspondentes ao tipo biológico N.

Foram propostos e estudados três modelos para se avaliar a capacidade de separar os efeitos, não aditivo de heterose e aditivo diretos e maternos de raça.

O primeiro modelo, denominado RM, incluiu os efeitos fixos de GC, CIMP e as covariáveis associadas aos efeitos genéticos aditivos diretos e maternos, além das covariáveis associadas aos efeitos genéticos não aditivos das heterozigoses, segundo a proposta de Dickerson (1973) de acordo com o seguinte modelo matemático:

$$\begin{aligned}
Y_{ijk} = & \mu + GC_i + CIMP_j + a_A^d(A_{ijk}^d - \bar{A}^d) + a_B^d(B_{ijk}^d - \bar{B}^d) + a_C^d(C_{ijk}^d - \bar{C}^d) \\
& + a_A^m(A_{ijk}^m - \bar{A}^m) + a_B^m(B_{ijk}^m - \bar{B}^m) + a_C^m(C_{ijk}^m - \bar{C}^m) + h_{NxA}^d(NxA_{ijk}^h - \overline{NxA}^h) + h_{NxB}^d(NxB_{ijk}^h - \overline{NxB}^h) + h_{NxC}^d(NxC_{ijk}^h - \overline{NxC}^h) \\
& + h_{AxB}^d(AxB_{ijk}^h - \overline{AxB}^h) + h_{AxC}^d(AxC_{ijk}^h - \overline{AxC}^h) + h_{BxC}^d(BxC_{ijk}^h - \overline{BxC}^h) + h_T^m(MT_{ijk}^h - \overline{MT}^h) + e_{ijk}
\end{aligned}$$

Em que:

Y_{ijk} é o valor fenotípico do k-ésimo animal ajustado para a idade de mensuração;

μ é uma constante inerente a cada característica;

GC_i é o efeito fixo do i-ésimo grupo de contemporâneos;

$CIMP_j$ é o efeito fixo da j-ésima classe de idade da mãe ao parto (j=1,2,...,7);

a_A^d, a_B^d, a_C^d são os coeficientes de regressão dos efeitos genéticos aditivos diretos associados às composições raciais individuais (A^d, B^d, C^d), expressos como desvios do tipo biológico N;

a_A^m, a_B^m, a_C^m são os coeficientes de regressão dos efeitos genéticos aditivos maternos associados às composições raciais maternas (A^m, B^m, C^m), expressos como desvios do tipo biológico materno N;

$h_{NxA}^d, h_{NxB}^d, h_{NxC}^d, h_{AxB}^d, h_{AxC}^d, h_{BxC}^d$ são os coeficientes de regressão dos efeitos das heterozigoses diretas ($NxA^h, NxB^h, NxC^h, AxB^h, AxC^h, BxC^h$);

h_T^m é o coeficiente de regressão do efeito da heterozigose materna total (MT^h);

e_{ijk} é o efeito residual.

O segundo modelo, denominado R, considerou todos os efeitos do modelo RM à exceção dos efeitos aditivos maternos, de acordo com o seguinte modelo matemático:

$$\begin{aligned}
Y_{ijk} = & \mu + GC_i + CIMP_j + a_A^d (A_{ijk}^d - \bar{A}^d) + a_B^d (B_{ijk}^d - \bar{B}^d) + a_C^d (C_{ijk}^d - \bar{C}^d) \\
& + h_{NxA}^d (Nx A_{ijk}^h - \overline{Nx A^h}) + h_{NxB}^d (Nx B_{ijk}^h - \overline{Nx B^h}) + h_{NxC}^d (Nx C_{ijk}^h - \overline{Nx C^h}) \\
& + h_{AxB}^d (Ax B_{ijk}^h - \overline{Ax B^h}) + h_{AxC}^d (Ax C_{ijk}^h - \overline{Ax C^h}) + h_{BxC}^d (Bx C_{ijk}^h - \overline{Bx C^h}) \\
& + h_T^m (MT_{ijk}^h - \overline{MT^h}) + e_{ijk}
\end{aligned}$$

Finalmente, o terceiro modelo, denominado H, considerou todos os efeitos incluídos no modelo R, à exceção dos efeitos aditivos diretos, de acordo com o seguinte modelo matemático:

$$\begin{aligned}
Y_{ijk} = & \mu + GC_i + CIMP_j \\
& + h_{NxA}^d (Nx A_{ijk}^h - \overline{Nx A^h}) + h_{NxB}^d (Nx B_{ijk}^h - \overline{Nx B^h}) + h_{NxC}^d (Nx C_{ijk}^h - \overline{Nx C^h}) \\
& + h_{AxB}^d (Ax B_{ijk}^h - \overline{Ax B^h}) + h_{AxC}^d (Ax C_{ijk}^h - \overline{Ax C^h}) + h_{BxC}^d (Bx C_{ijk}^h - \overline{Bx C^h}) \\
& + h_T^m (MT_{ijk}^h - \overline{MT^h}) + e_{ijk}
\end{aligned}$$

O ajuste das informações aos efeitos dos cruzamentos foram feitos com base nas heterozigose ou porcentagens de cruzamento entre os diferentes tipos biológicos (sistema NABC), as chamadas “*outcrossing percentages*”, tratadas como covariáveis nas análises.

A inclusão das porcentagens de cruzamento nos modelos de análise, como covariáveis, tem por objetivo remover ou diminuir a variabilidade devida à combinação dos genes das diferentes raças, que é uma maneira de isolar os efeitos de heterose e complementaridade de raças. Esta estratégia possibilita a predição dos valores genéticos aditivos de cada animal.

Assim os efeitos não aditivos dos genes, responsáveis pela heterose e que podem alterar as predições dos valores genéticos dos animais, serão considerados em todos os modelos de análises por meio das seguintes covariáveis:

Para efeitos não aditivos diretos h_{ixj}^d

NxA = porcentagem de cruzamento entre raças do grupo N e do grupo A existente na composição racial do animal;

NxB = porcentagem de cruzamento entre raças do grupo N e do grupo B existente na composição racial do animal;

NxC = porcentagem de cruzamento entre raças do grupo N e do grupo C existente na composição racial do animal;

AxB = porcentagem de cruzamento entre raças do grupo A e do grupo B existente na composição racial do animal;

AxC = porcentagem de cruzamento entre raças do grupo A e do grupo C existente na composição racial do animal;

BxC = porcentagem de cruzamento entre raças do grupo B e do grupo C existente na composição racial do animal;

Para efeitos não aditivos maternos(h_{ij}^m)

MN x MA = porcentagem de cruzamento entre raças do grupo N e do grupo A existente na composição racial da mãe do animal;

MN x MB = porcentagem de cruzamento entre raças do grupo N e do grupo B existente na composição racial da mãe do animal;

MN x MC = porcentagem de cruzamento entre raças do grupo N e do grupo C existente na composição racial da mãe do animal;

MA x MB = porcentagem de cruzamento entre raças do grupo A e do grupo B existente na composição racial da mãe do animal;

MA x MC = porcentagem de cruzamento entre raças do grupo A e do grupo C existente na composição racial da mãe do animal;

MB x MC = porcentagem de cruzamento entre raças do grupo B e do grupo C existente na composição racial da mãe do animal;

Estas frações de heterozigose foram calculadas segundo a fórmula, $h_{ij} = \sum_{i \neq j} r_i r_j$.

Sendo r a porcentagem de contribuição do tipo biológico baseado no sistema NABC para o $i^{\text{ésimo}}$ pai e $j^{\text{ésima}}$ mãe.

Os principais coeficientes percentuais médios utilizados para a estimação dos efeitos genéticos aditivos diretos e maternos associados às participações genéticas de cada grupo biológico do sistema NABC e, aos genéticos não aditivos das heterozigosas diretas e maternas estão presentes na Tabela 10.

Foi aplicado também um processo aditivo para prever os desempenhos dos grupos genéticos nas diferentes características. Para o modelo RM a seguinte fórmula geral foi aplicada para a predição:

$$\begin{aligned}\hat{Y}_i^{RM} = & \hat{Y}_N + a_A^d (A_{ijk}^d - \bar{A}^d) + a_B^d (B_{ijk}^d - \bar{B}^d) + a_C^d (C_{ijk}^d - \bar{C}^d) \\ & + a_A^m (A_{ijk}^m - \bar{A}^m) + a_B^m (B_{ijk}^m - \bar{B}^m) + a_C^m (C_{ijk}^m - \bar{C}^m) \\ & + h_{NxA}^d (Nx A_{ijk}^h - \overline{Nx A^h}) + h_{NxB}^d (Nx B_{ijk}^h - \overline{Nx B^h}) + h_{NxC}^d (Nx C_{ijk}^h - \overline{Nx C^h}) \\ & + h_{AxB}^d (Ax B_{ijk}^h - \overline{Ax B^h}) + h_{AxC}^d (Ax C_{ijk}^h - \overline{Ax C^h}) + h_{BxC}^d (Bx C_{ijk}^h - \overline{Bx C^h}) \\ & + h_T^m (MT_{ijk}^h - \overline{MT^h})\end{aligned}$$

Em que:

\hat{Y}_i^{RM} é o valor predito para o $i^{\text{ésimo}}$ grupo genético de acordo com o modelo RM;

\hat{Y}_N é a média ajustada pelo método dos quadrados mínimos para o grupo genético 100% N;

Para o modelo R a seguinte fórmula geral, com a mesma nomenclatura do modelo RM, foi aplicada para a predição:

$$\begin{aligned}\hat{Y}_i^R = & \hat{Y}_N + a_A^d (A_{ijk}^d - \bar{A}^d) + a_B^d (B_{ijk}^d - \bar{B}^d) + a_C^d (C_{ijk}^d - \bar{C}^d) \\ & + h_{NxA}^d (Nx A_{ijk}^h - \overline{Nx A^h}) + h_{NxB}^d (Nx B_{ijk}^h - \overline{Nx B^h}) + h_{NxC}^d (Nx C_{ijk}^h - \overline{Nx C^h}) \\ & + h_{AxB}^d (Ax B_{ijk}^h - \overline{Ax B^h}) + h_{AxC}^d (Ax C_{ijk}^h - \overline{Ax C^h}) + h_{BxC}^d (Bx C_{ijk}^h - \overline{Bx C^h}) \\ & + h_T^m (MT_{ijk}^h - \overline{MT^h})\end{aligned}$$

Em que:

\hat{Y}_i^R é o valor predito para o $i^{\text{ésimo}}$ grupo genético de acordo com o modelo R.

Tabela 10. Coeficientes percentuais médios utilizados para a estimação dos efeitos genéticos aditivos diretos e maternos associados às composições raciais e, genéticos não aditivos das heterozigoses diretas e materna, dos principais NABCs presentes no banco de dados.

Grupo Genético	NABC	Aditivo Materno			Aditivo Direto			Heterozigoses Diretas e Materna						
		\bar{A}^m	\bar{B}^m	\bar{C}^m	\bar{A}^d	\bar{B}^d	\bar{C}^d	$\overline{NxA^h}$	$\overline{NxB^h}$	$\overline{NxC^h}$	$\overline{AxB^h}$	$\overline{AxC^h}$	$\overline{BxC^h}$	$\overline{MT^h}$
Puras	16 0 0 0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	0 0 16 0	0	100	0	0	100	0	0	0	0	0	0	0	0
F ₁	8 8 0 0	0	0	0	50	0	0	99	0	0	0	0	0	0
	8 0 8 0	0	0	0	0	50	0	0	100	0	0	0	0	0
	8 0 0 8	0	0	0	0	0	50	0	0	100	0	0	0	0
³ / ₄	X X 12 X	0	74	6	1	74	15	0	21	0	2	0	28	29
	12 X X X	2	13	13	8	12	10	15	23	19	0	0	0	42
Montana Tropical®	4 4 4 4	3	5	44	25	25	25	23	23	3	3	23	23	69
	4 4 8 0	1	50	0	25	50	0	24	25	0	26	0	0	78
	4 8 0 4	1	0	49	50	0	25	49	0	0	0	49	0	72
	4 8 4 0	2	49	0	50	25	0	49	0	0	49	0	0	84
	X X X X	22	28	14	43	22	11	27	10	4	21	11	5	74
Outros	X X X X	3	10	18	9	32	22	7	38	22	5	1	16	33

Para o modelo H a seguinte fórmula geral, com a mesma nomenclatura do modelo RM, foi aplicada para a predição:

$$\begin{aligned} \hat{Y}_i^H &= \hat{Y}_N \\ &+ h_{NxA}^d \left(NxA_{ijk}^h - \overline{NxA^h} \right) + h_{NxB}^d \left(NxB_{ijk}^h - \overline{NxB^h} \right) + h_{NxC}^d \left(NxC_{ijk}^h - \overline{NxC^h} \right) \\ &+ h_{AxB}^d \left(AxB_{ijk}^h - \overline{AxB^h} \right) + h_{AxC}^d \left(AxC_{ijk}^h - \overline{AxC^h} \right) + h_{BxC}^d \left(BxC_{ijk}^h - \overline{BxC^h} \right) \\ &+ h_T^m \left(MT_{ijk}^h - \overline{MT^h} \right) \end{aligned}$$

Em que:

\hat{Y}_i^H é o valor predito para o $i^{\text{ésimo}}$ grupo genético de acordo com o modelo H.

Como forma de avaliar a capacidade de predição dos modelos, foram calculados os coeficientes de correlação simples entre os valores ajustados pelo método dos quadrados mínimos (LSM) em função dos grupos genéticos com os valores preditos (\hat{Y}_i^{RM} , \hat{Y}_i^R , \hat{Y}_i^H) pelos modelos RM, R e H. Para tanto utilizou-se o procedimento CORR do programa SAS.

Posteriormente, para fins de estimação de componentes de variância, os dados foram submetidos a ajustes das informações aos efeitos genéticos não aditivos dos cruzamentos, realizados com base nas porcentagens de heterozigoses e efeitos das heteroses entre as composições raciais, tratadas como covariáveis nas análises, conforme recomendações de Ferraz, Eler e Golden (1999b).

As estimativas de componentes de (co) variâncias e de parâmetros genéticos foram obtidas pelo procedimento de máxima verossimilhança restrita (REML) usando algoritmo livre de derivadas, sob um modelo animal, utilizando o programa MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995). O critério de convergência de variância do simplex foi 10^{-9} . No modelo animal completo foram usadas todas as informações disponíveis de pedigree no cálculo da matriz de parentesco A.

Os parâmetros genéticos estimados foram as herdabilidades direta, materna e total e a proporção da variância do efeito permanente de meio como parte da variância fenotípica, respectivamente calculados como:

$$\hat{h}_d^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_p^2}, \hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_m^2}{\hat{\sigma}_p^2}, \hat{h}_t^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2 + 0,5\hat{\sigma}_m^2 + 1,5\hat{\sigma}_{am}}{\hat{\sigma}_p^2} \text{ e, } \hat{c}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{ep}^2}{\hat{\sigma}_p^2}. \quad \text{Sendo as}$$

estimativas dos componentes de variância genética aditiva, a variância genética materna, a

variância do erro, a variância fenotípica, a variância permanente de ambiente e a covariância genética aditiva com materna, identificadas como apresentado na Tabela 11.

Tabela 11. Definição dos componentes de (co) variância e de alguns estimadores e parâmetros genéticos.

(Co) Variância / Parâmetro Genético	Símbolo
Variância genética aditiva direta	$\hat{\sigma}_a^2$
Variância genética materna	$\hat{\sigma}_m^2$
Covariância genética entre efeito direto e materno	$\hat{\sigma}_{am}$
Variância permanente de ambiente	$\hat{\sigma}_{ep}^2$
Variância residual	$\hat{\sigma}_e^2$
Variância fenotípica	$\hat{\sigma}_p^2$
Herdabilidade direta	h_d^2
Herdabilidade materna	h_m^2
Herdabilidade total	h_t^2
Proporção da variância fenotípica devida à variância permanente de ambiente	c^2
Proporção da variância fenotípica devida à variância residual	e^2

Foram realizadas análises unicaracterísticas e considerou-se um conjunto de efeitos fixos e aleatórios. Os efeitos aleatórios foram o genético aditivo direto, o aditivo materno e o residual e , para PESNAS e PES205, também o efeito permanente de ambiente materno.

As análises consideraram o seguinte modelo matemático genérico:

$$y = Xb + Za + Wm + Sc + e$$

Em que:

y é o vetor das observações pré-ajustadas para o efeito de idade à mensuração, CIMP e heterozigoses;

X é a matriz de incidência dos efeitos fixos, associando os elementos de b à y ;

b é o vetor de efeitos fixos representado pelos GCs;

Z , W e S são as matrizes de incidência dos efeitos aleatórios, associando respectivamente os elementos de a, m e c à y ;

a é o vetor de efeitos aleatórios aditivos direto;

m é o vetor de efeitos aleatórios aditivos maternos;

c é o vetor de efeitos aleatórios não correlacionada do ambiente permanente materno;

e é o vetor de efeitos de resíduo inerentes a cada observação, NID $(0, \sigma^2)$.

Como resultados da estimação de parâmetros genéticos obteve-se as estimativas das DEPs dos touros e dos garrotes da safra 2003 para a características PES205.

Os touros foram classificados em três grupos de acordo com o número de filhos ao desmame: touros com 300 ou mais filhos mensurados (TA), touros com menos de 300 e mais de 39 filhos (TB) e, touros com menos de 40 filhos mensurados.

Utilizando-se estes subconjuntos o coeficiente de correlação entre as diferenças esperadas na progênie (DEP) foi calculado pelo método de Pearson. Adicionalmente, a ordem dos animais em cada subconjunto foi comparada usando-se o coeficiente de correlação de ordem de Spearman. Este coeficiente permite quantificar o grau de associação entre os resultados obtidos por duas avaliações. A ordem foi estabelecida pela classificação das diferenças esperadas na progênie (DEP) dos animais em cada modelo.

Para os garrotes foi verificada também a proporção de animais coincidentes entre os modelos, ao serem selecionados 20% dos garrotes de maior DEP no modelo H.

4. RESULTADOS

4.1. Estatística Descritiva

As estatísticas descritivas dos dados para PESNAS, PES205, PES390, GP185, CE390 e MUSC390 de animais compostos são apresentadas na Tabela 12. As médias observadas, os desvios-padrão e os coeficientes de variação são similares aos encontrados em outros estudos (ELER et al. 2000; PEROTTO et al. 2000; EVERLING et al. 2001; TEIXEIRA; ALBUQUERQUE, 2003).

Pode-se notar pequena variação quanto à capacidade de ajuste dos diferentes modelos baseando-se apenas nas estatísticas do coeficiente de determinação, do coeficiente de variação e do desvio padrão. Isto se deve principalmente, aos modelos incluírem o efeito de GC, pois este é o principal responsável pelo ajuste nos modelos aqui estudados.

O efeito de GC foi o principal responsável por parte das somas de quadrados total nas diferentes características. É importante lembrar que os efeitos, e as possíveis interações de safra de nascimento, de sexo do animal, da fazenda de criação e de grupo de manejo estão incluídos neste fator.

Tabela 12. Médias gerais, coeficientes de determinação (R^2 em %) e de variação (CV em %) e, desvios padrão (DP) obtidos nas diferentes características em função dos modelos RM, R e H.

Parâmetro	Modelo	Características				
		PESNAS (kg)	PES205 (kg)	PES390 (kg)	CE390 (cm)	MUSC390 (pontos)
R^2 (%)	RM	25,46	49,17	73,43	41,94	43,05
	R	25,21	48,71	73,35	41,92	43,00
	H	25,19	48,33	73,30	41,75	42,99
CV (%)	RM	10,99	11,55	9,50	10,64	19,23
	R	11,01	11,60	9,51	10,64	19,24
	H	11,01	11,64	9,52	10,66	19,24
DP	RM	3,57	22,19	25,72	3,01	0,79
	R	3,57	22,29	25,76	3,01	0,79
	H	3,57	22,37	25,78	3,01	0,79
Média	-	32,47	192,16	270,69	28,28	4,08

4.2. Efeito da Idade da Vaca ao Parto

Quando se eliminam ou controlam-se os efeitos ambientais é possível identificar os animais geneticamente superiores mais adequadamente. Entre os fatores ambientais que influenciam as características de crescimento, a idade da vaca ao parto apresenta importância expressiva, pois está intimamente ligada à experiência materna e à produção de leite, fundamentalmente, devido à fêmea passar por alterações fisiológicas ao longo de sua vida, influenciando na sua capacidade reprodutiva e produtiva.

Para reduzir tais efeitos são realizados ajustes utilizando-se desvios em relação à CIMP 4 por ser a classe mais produtiva. Tais estimativas para as características, em função da classe de idade da mãe ao parto, estão apresentados na Tabela 13.

Tabela 13. Fatores de ajustes para classe de idade da mãe ao parto (CIMP) em relação às diferentes características estudadas estimados por diferentes modelos.

Característica	Modelo	CIMP						
		1	2	3	4	5	6	7
PESNAS (kg)	RM	-2,7	-1,3	-0,5	0,0	-0,2	-0,6	-0,8
	R	-2,6	-1,3	-0,5	0,0	-0,2	-0,6	-0,9
	H	-2,7	-1,3	-0,5	0,0	-0,2	-0,6	-0,9
PES205 (kg)	RM	-26,5	-14,2	-4,1	0,0	-2,5	-5,5	-10,6
	R	-28,1	-15,0	-4,6	0,0	-2,4	-5,4	-10,6
	H	-28,9	-15,5	-4,8	0,0	-2,4	-5,5	-10,7
PES390 (kg)	RM	-14,4	-7,7	-3,1	0,0	-2,2	-4,8	-7,6
	R	-15,5	-8,3	-3,4	0,0	-2,1	-4,8	-7,5
	H	-15,7	-8,5	-3,4	0,0	-2,1	-4,8	-7,6
CE390 (cm)	RM	-0,99	-0,58	-0,24	0,00	-0,31	-0,48	-0,86
	R	-0,98	-0,58	-0,24	0,00	-0,31	-0,47	-0,85
	H	-1,02	-0,60	-0,25	0,00	-0,30	-0,48	-0,86
MUSC390 (escore)	RM	-0,109	-0,061	-0,036	0,000	0,003	-0,093	-0,062
	R	-0,127	-0,071	-0,040	0,000	0,003	-0,092	-0,060
	H	-0,126	-0,070	-0,040	0,000	0,004	-0,091	-0,059

Os efeitos das CIMP's sobre os PESNAS foram importantes com magnitudes que alcançam 2,7 kg da CIMP 1 em relação à CIMP 4. Pouca variação ocorreu a partir das CIMP 3, para esta característica. Para os PES205 os ajustes para CIMP foram importantes com magnitudes que alcançam até 28,9 kg da CIMP 1 em relação à CIMP 4. O comportamento é muito semelhante para PES390, porém em patamares mais reduzidos, atingindo diferenças de até 15,7 kg.

Os resultados de Alencar et al. (1992) ressaltam a importância da quantidade de leite produzida pela vaca de corte como fundamental, uma vez que é a responsável por uma porção significativa do desenvolvimento de bezerro até a desmama. Nota-se neste caso que tal efeito perdura até os 390 dias de idade.

Reconhece-se este efeito com um comportamento que se assemelha a uma função quadrática, ou seja, vacas jovens, tendem a ter menor produção de leite devido à falta de maturidade de crescimento. Assim, elas produzem bezerros com menores pesos ao desmame e ao ano (PELICIONI et al., 2002).

Após os quatro anos de idade, a vaca atinge a maturidade fisiológica, sendo que o maior desempenho nas características de habilidade materna ocorre por volta dos seis a oito anos de idade, tendendo a partir daí apresentar redução na produção de leite lentamente.

Para um estudo com animais das raças Canchim e Nelore (ALENCAR, 1987) verificou-se que a produção de leite das vacas é responsável por 26,2% e 20,3% do ganho de peso do nascimento ao desmame, respectivamente. Meyer, Carrick e Donnelly (1994) também afirmaram que a produção de leite é a principal responsável pelo efeito materno.

Os trabalhos de Jorge Junior et al. (2001) e Jorge Junior, Dias e Albuquerque (2004) com vacas da raça Nelore e de Cardoso, Cardellino e Campos (2001) com vacas da raça Angus, relatam que a idade da vaca afeta o desenvolvimento corporal e o crescimento do bezerro, de maneira que as vacas que pariram entre os sete e nove anos de idade foram as que desmamaram os bezerros mais pesados.

É biologicamente normal que o bezerro torne-se mais independente e a influência do efeito materno diminua a partir do desmame, de acordo com Moreira e Cardellino (1994). Aos 12 meses de idade, espera-se que a influência materna seja menor, pois o bezerro não estará mamando, resultado semelhante ao de Paz et al. (1999).

O período pós-desmama é importante na avaliação genética de bovinos de corte por corresponder a uma fase próxima do produto final e por melhor representar o ambiente de criação. Costa et al. (2005) descreve o efeito da idade da vaca ao parto como um dos maiores responsáveis sobre o ganho de peso pós-desmama.

Salienta-se, no entanto, que diferentemente do peso ao desmame, o ganho de peso pós-desmama apresenta um comportamento atípico em termos biológicos, mas compreendido quando se verificam que os bezerros filhos de mães muito jovens ou muito velhas, provavelmente recebem menos leite e menores cuidados. Conseqüentemente, sofrem restrição temporária em seu desempenho, compensado posteriormente com maiores ganhos de peso no período pós-desmame.

Quando o crescimento do animal é diminuído em conseqüência de uma subnutrição, por um curto período, ele pode ser capaz de recuperar o peso quando a condição alimentar for melhor, crescendo, em geral, à taxa mais acelerada, o que é chamado ganho compensatório.

Isto possibilita, que vacas mais jovens (CIMP 1 e 2) ou mais velhas (CIMP 6 e 7) produzam bezerros com maior ganho de peso pós-desmame, enquanto que vacas no auge da maturidade fisiológica (CIMP 3 a 5) produzam bezerros com menor ganho de peso pós-desmame.

Para escore de musculosidade os fatores de ajustes para CIMP apesar de não significativos ($P > 0,05$), foram aplicados sobre os dados originais como forma de ajuste. Entretanto, os trabalhos de Jorge Junior et al. (2001) e Jorge Junior, Dias e Albuquerque (2004) identificaram presença significativa da idade da vaca sobre os escores de musculosidade.

4.3. Efeitos Aditivos Maternos dos Tipos biológicos

Os resultados das análises de variância do modelo RM para os efeitos aditivos maternos dos tipos biológicos estão presentes na Tabela 14. Estes efeitos genéticos aditivos maternos foram estimados como desvios do grupo N a partir dos coeficientes de regressão linear para 100% da raça materna para as diferentes características estudadas.

Tabela 14. Estimativas dos efeitos aditivos maternos dos tipos biológicos obtidos pelo modelo RM para as características em estudo^{1/}.

Efeito Aditivo	PESNAS	PES205	GP185*	PES390	CE390	MUSC390
Materno	(kg)	(kg)	(kg)	(kg)	(cm)	(pt)
A _m	2,74	-36,64	6,32	-30,32	1,05	-0,297
EP	0,21	1,37	2,22	2,67	0,53	0,090
P < t	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	0,0456	0,0010
B _m	4,74	-7,74	-6,00	-13,74	0,74	-0,186
EP	0,22	1,42	2,40	2,87	0,58	0,102
P < t	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	0,2005	0,0679
C _m	4,00	1,46	-11,35	-9,89	1,76	0,149
EP	0,26	1,68	2,93	3,45	0,69	0,120
P < t	<0,0001	0,3841	<0,0001	0,0042	0,0110	0,2160

^{1/}Efeitos genéticos aditivos maternos estimados como desvio do grupo N a partir dos coeficientes de regressão lineares para 100% da raça materna; *estimado como diferença das estimativas de PES390-PES205;

4.3.1. Peso ao Nascimento

Para PESNAS o modelo RM estimou efeitos aditivos positivos dos tipos biológicos maternos (TBM) iguais a 0,027 kg/%A, 0,047 kg/%B e 0,040 kg/%C como desvios significativos ($P < 0,0001$) do tipo biológico materno N. Estes expressam a importância do efeito materno pré-natal sobre o peso ao nascimento. Um destaque para estes resultados é a magnitude observada junto ao TBM B, que proporciona maiores pesos ao nascimento em relação a todos os tipos biológicos maternos (Figura 3).

Resultados semelhantes para estes efeitos foram encontrados por Franke et al., 2001, que variaram de 6,0 a 6,9 kg para as raças Angus, Hereford e Charolesa quando comparadas com a raça Brahman, com animais criados em ambiente subtropical.

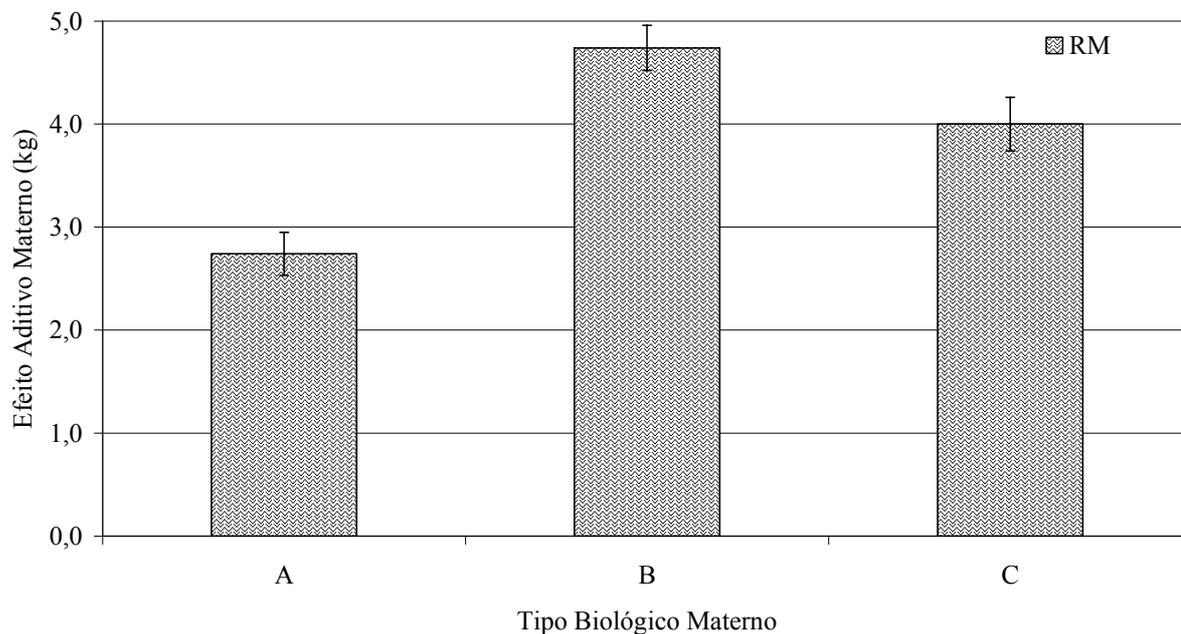


Figura 3. Estimativas dos efeitos aditivos maternos estimados como desvios do tipo biológico materno N, pelo modelo de análise RM para peso ao nascimento de bovinos compostos.

Estes resultados também estão de acordo com aqueles encontrados por Arthur et al. (1994), que relataram efeitos da raça materna Hereford como desvio da raça Brahman que variaram de 3,2 kg a 8,2 kg em função do sistema de pastejo utilizado, sendo maior para o de melhor ambiente. E, também aqueles de Arthur, Hearnshaw e Stephenson (1999) que apresentaram valores entre 6,0 kg e 10,6 kg para a raça Hereford como desvio da raça Brahman, variando de acordo com o clima regional australiano, em modelo que incluiu o efeito de epistasia direta e materna.

Também são próximos as resultados obtidos a partir de dados adaptados de Prayaga (2003), efeitos raciais maternos foram iguais a 7,2 kg para o tipo biológico Sanga, 5,8 kg para o tipo biológico Britânico e 7,3 kg para o para o tipo biológico Continental, como desvios do tipo biológico zebu, sendo as estimativas originais iguais a: -5,8 kg (Zebu), 1,4 kg (Sanga) significativos ($P < 0,05$) e, 1,5 kg (Continental) não significativo ($P > 0,05$) como desvios do grupo Britânico.

Em estudo recente, o efeito materno das raças Hereford e Angus também foram significativos ($P < 0,01$) como desvio da raça Nelore, sendo respectivamente de 3,46 kg e 4,33 kg (TEIXEIRA, 2004). Estes resultados são de menor magnitude para o efeito do grupo Britânico que às estimativas do presente trabalho.

4.3.2. Peso ao Desmame

Para peso ao desmame o modelo RM estimou efeitos aditivos negativos ou próximos de zero para os TBMs iguais a: $-0,366 \text{ kg}/\%A$ ($P < 0,0001$), $-0,077 \text{ kg}/\%B$ ($P < 0,0001$) e, $0,015 \text{ kg}/\%C$ ($P = 0,38$) como desvio do tipo biológico materno N (Figura 4). Estes resultados expressam a importância do efeito materno pós-natal sobre o peso ao desmame. A magnitude e a negatividade para o TBM A representam uma contribuição desfavorável dos genes oriundos deste grupo para habilidade materna, que levam a menores pesos ao nascimento em relação a todos os tipos biológicos maternos. É importante notar que o TBM C não diferiu do TBM N, o que indica habilidades maternas similares até o desmame. O mesmo comportamento foi averiguado por Franke et al. (2001) quando compararam animais da raça Charolês com Brahman. Estes informam ainda efeitos negativos das raças britânicas ($-12,9$ a $-30,5 \text{ kg}$) quando comparadas à raça Brahman.

Os efeitos da raça materna Hereford como desvios da raça Brahman variaram de $8,5$ a $28,5 \text{ kg}$ ($P > 0,05$) para as pastagens de boa qualidade, porém, sendo de $-64,8 \text{ kg}$ ($P < 0,01$) nas pastagens de baixa qualidade (ARTHUR et al., 1994). Estes resultados são distintos em magnitude e direção dos encontrados no presente estudo. Entretanto, resultados semelhantes foram relatados por Arthur, Hearnshaw e Stephenson (1999) com valores de $-3,4 \text{ kg}$ e $8,2 \text{ kg}$ da raça Hereford como desvios da raça Brahman, que variaram com o clima regional australiano, em modelo que incluiu o efeito de epistasia direta e materna e ainda caracteriza a presença de interação genótipo-ambiente.

Outro trabalho comparável ao deste estudo é o de Prayaga (2003), em que os efeitos raciais maternos foram iguais a $-3,4 \text{ kg}$ para o tipo biológico Sanga, $-13,3 \text{ kg}$ para as raças britânicas e $-9,0 \text{ kg}$ para as raças continentais, como desvio do tipo biológico Zebu, sendo as estimativas originais iguais a $13,3 \text{ kg}$ para o grupo zebu; $9,9 \text{ kg}$ para o grupo Sanga, sendo significativos ($P < 0,01$) e, $4,3 \text{ kg}$ para o grupo Continental, sendo não significativo ($P > 0,05$), como desvio das raças Britânicas.

Outros resultados com mesma direção e com magnitudes próximas às encontradas no presente trabalho, foram publicados por Teixeira (2004), na qual os efeitos aditivos maternos das raças Hereford e Angus foram significativos ($P < 0,01$), respectivamente de $-13,71 \text{ kg}$ e $-8,81 \text{ kg}$, como desvio da raça Nelore.

Uma visão representativa dos resultados está presente na Figura 4, na qual pode-se observar que de maneira geral os resultados deste trabalho estão condizentes com os achados relatados na literatura.

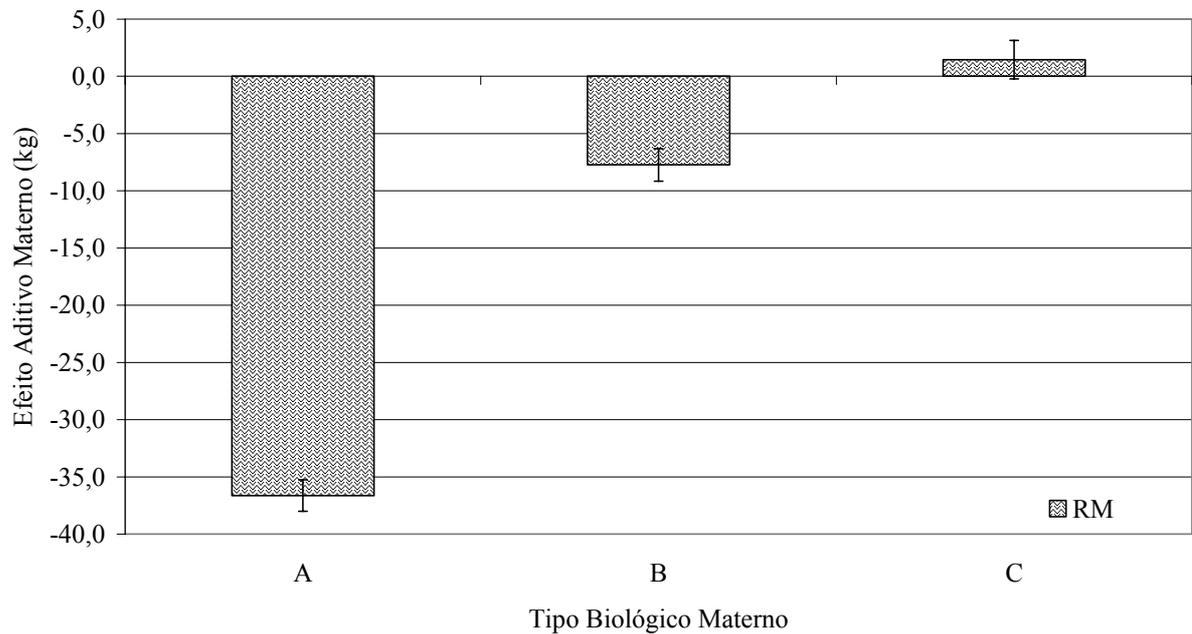


Figura 4. Estimativas dos efeitos aditivos maternos estimados como desvios do tipo biológico materno N, pelo modelo de análise RM para peso aos 205 dias de bovinos compostos.

4.3.3. Peso aos 390 dias

Para peso ao 390 dias, o modelo RM estimou efeitos aditivos negativos ($P < 0,01$) para os TBMs iguais a $-0,303 \text{ kg}/\%A$, $-0,137 \text{ kg}/\%B$ e $-0,099 \text{ kg}/\%C$ como desvio do tipo biológico materno N ($P < 0,01$). Estes valores também expressam a importância do efeito materno pós-natal sobre o peso aos 390 dias, ainda como efeito residual. Um comportamento semelhante foi notado sobre o peso ao desmame, ressaltando-se o aumento da magnitude e mudança de sentido observado para o TBM C, que para esta característica foi negativo em relação ao TBM Nelore (Figura 5).

A adaptação realizada com os dados de Prayaga (2003) revela efeitos raciais maternos de $-3,7 \text{ kg}$ para o grupo Sanga, com magnitude muito menor que as deste estudo, porém semelhantes com os desvios de $-10,2 \text{ kg}$ para o grupo Britânico e, $-2,4 \text{ kg}$ para o grupo Continental, como desvios em relação ao tipo biológico zebu. Sendo as estimativas originais iguais a: $10,2 \text{ kg}$ (Zebu, $P < 0,01$), $6,5 \text{ kg}$ (Sanga), e, $7,8 \text{ kg}$ (Continental) não significativas ($P > 0,05$) como desvios do grupo Britânico.

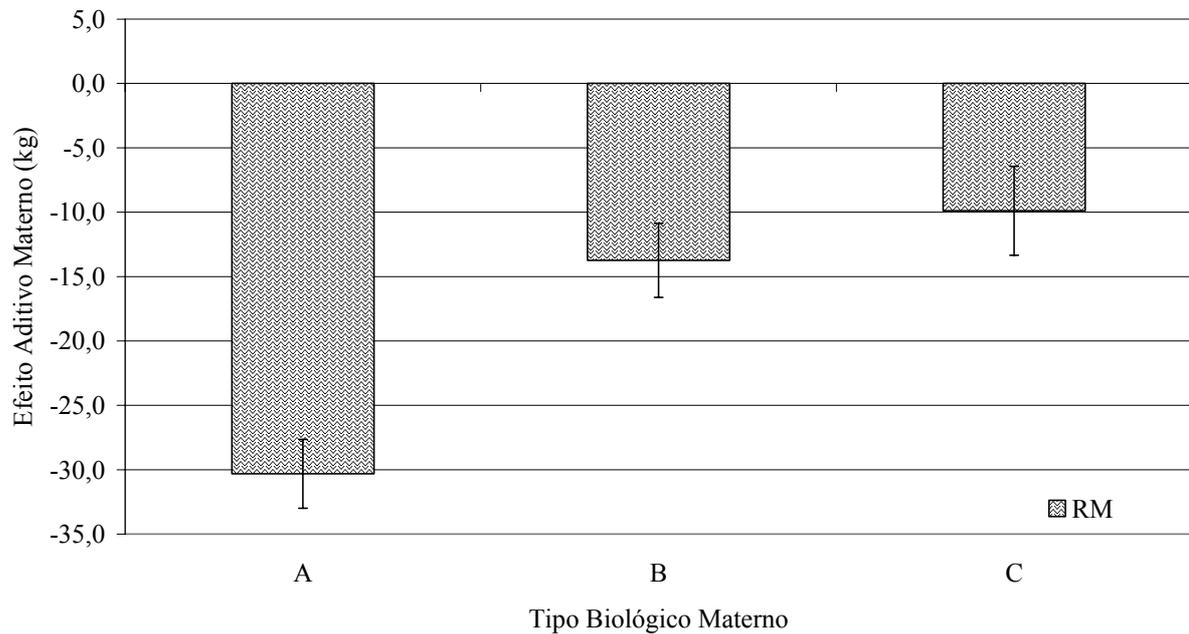


Figura 5. Estimativas dos efeitos aditivos maternos estimados como desvios do tipo biológico materno N, pelo modelo de análise RM para peso aos 390 dias de bovinos compostos.

Em trabalho recente, para peso ao sobreano, Teixeira (2004) encontrou efeitos aditivos maternos das raças Hereford e Angus significativos ($P < 0,01$), sendo respectivamente de -3,77 e -22,72 kg, como desvios da raça Nelore.

4.3.4. Ganho de Peso da Desmama aos 390 dias

Para GP185, que representa o potencial individual de crescimento de um animal após o desmame, o modelo RM estimou efeitos aditivos ($P < 0,0001$) para os TBMs iguais a 0,063 kg/%A, -0,060 kg/%B e -0,114 kg/%C como desvios do tipo biológico materno N (Figura 6).

O efeito materno pós-natal após desmame ainda exerce função residual significativa sobre o ganho de peso pós-desmame com contribuição negativa do TBM B e C em relação ao TBM N. A influencia do TBM A em relação ao TBM N foi positiva, possivelmente devido ao efeito de ganho compensatório, pois o efeito do TBM A ao desmame foi desfavorável.

A adaptação realizada sobre os dados de Prayaga (2003) com a característica ganho de peso para um período de 185 dias, resulta em efeitos raciais maternos pequenos e divergentes em relação aos do presente estudo, sobretudo para os efeitos dos TBM A e C. As estimativas foram de 0,0 kg para o grupo Sanga, 1,2 kg para o grupo Britânico e 0,6 kg para o

grupo Continental, como desvios do tipo biológico Zebu, sendo as estimativas originais iguais a: -6,5 g/dia (Sanga), -6,5 g/dia (Zebu) e, -3,3 g/dia (Continental) e não significativas ($P>0,05$) como desvios do grupo Britânico.

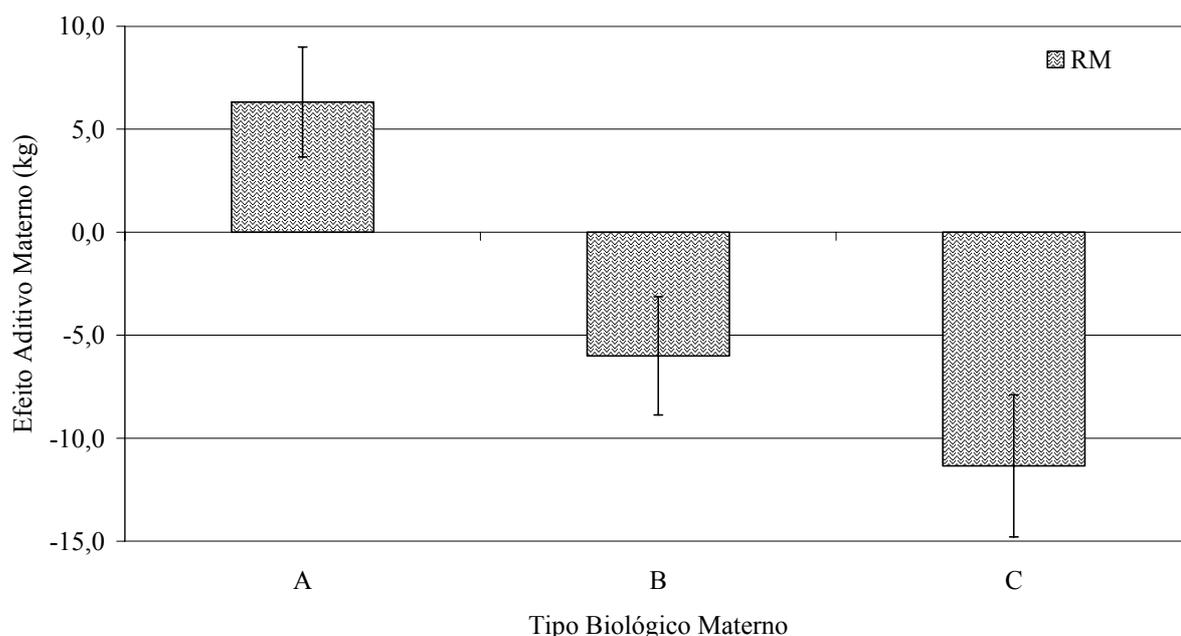


Figura 6. Estimativas dos efeitos aditivos maternos estimados como desvios do tipo biológico materno N, pelo modelo de análise RM para ganho de peso do desmame aos 390 dias de bovinos compostos.

Esta diferença também aconteceu em relação ao ganho de peso da desmama ao sobreano, segundo Teixeira (2004), que encontrou efeitos aditivos maternos das raças Hereford e Angus respectivamente de 13,39 kg ($P<0,01$) e -2,79 kg ($P>0,05$) como desvios da raça Nelore.

4.3.5. Perímetro Escrotal aos 390 dias

Para perímetro escrotal aos 390 dias o modelo RM estimou efeitos aditivos dos TBMs iguais a 0,011 cm/%A, 0,007 cm/%B e, 0,018 cm/%C como desvio do tipo biológico materno N, sendo estes significativos ($P<0,05$) para os TBM A e C e não significativos ($P=0,20$) para o TBM B (Figura 7).

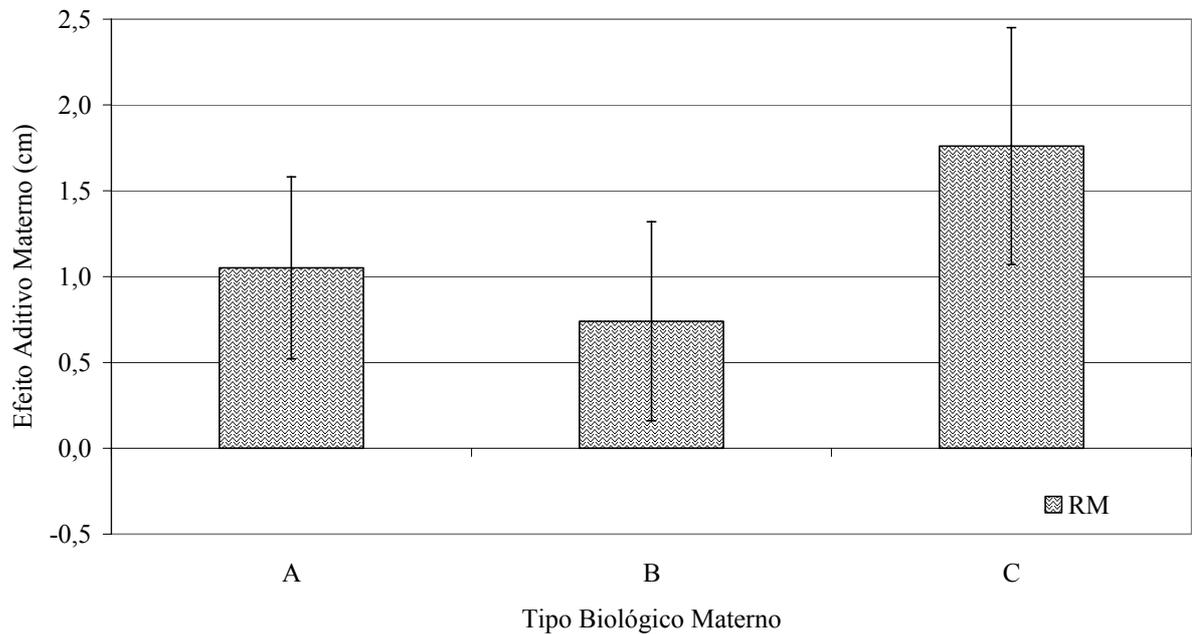


Figura 7. Estimativas dos efeitos aditivos maternos estimados como desvios do tipo biológico materno N, pelo modelo de análise RM para perímetro escrotal aos 390 dias de bovinos compostos.

Tal comportamento é indicador da ausência do efeito racial materno sobre esta característica e/ou falta de variabilidade genética entre os tipos biológicos maternos estudados.

As estimativas deste estudo são concordantes às obtidas com a adaptação dos resultados de Prayaga (2004) na qual os efeitos raciais maternos foram de 2,37 cm e 2,40 cm para o grupo Sanga, 1,59 cm e 0,83 cm para o grupo Britânico e, 1,63 cm e 1,44 cm para o grupo Continental, como desvios do tipo biológico Zebu, respectivamente para CE ajustada e não ajustada para peso. Sendo as estimativas originais iguais a: 7,8 e 15,7 mm (Sanga), -15,9 mm ($P < 0,01$) e -8,3 mm (Zebu) e, 0,4 e 6,1 mm (Continental) em geral não significativas ($P > 0,05$) como desvios do grupo britânico, respectivamente para CE ajustada e não ajustada para peso.

4.3.6. Escore de Musculosidade aos 390 dias

Para o escore de musculossidade aos 390 dias o modelo RM estimou efeito aditivo significativo ($P < 0,001$) do TBM A igual a $-0,003$ ponto/%A como desvio do tipo biológico materno N. Relata-se também que o TBM B e C não diferiram ($P < 0,05$) do TBM N, o que indica habilidades maternas similares para esta característica (Figura 8).

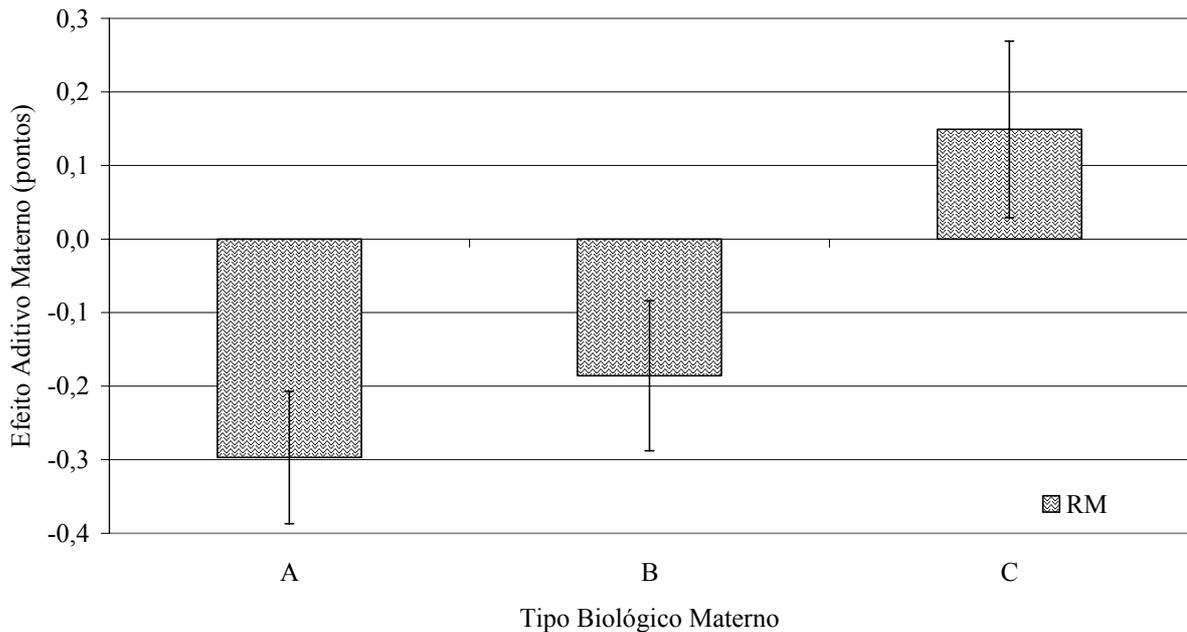


Figura 8. Estimativas dos efeitos aditivos maternos estimados como desvios do tipo biológico materno N, pelo modelo de análise RM para escore de musculossidade aos 390 dias de bovinos compostos.

Não foram encontrados trabalhos na literatura que possibilitem comparações adequadas com esta característica para efeito aditivo materno.

4.4. Efeitos Aditivos Diretos dos Tipos biológicos

Os resultados das análises de variância dos modelos RM e R para os efeitos aditivos diretos dos tipos biológicos estão presentes na Tabela 15, e estão expressos como desvios do tipo biológico N (TBN) para substituição de 100% do tipo biológico alternativo, para as diferentes características estudadas.

Tabela 15. Estimativas dos efeitos aditivos diretos dos tipos biológicos, obtidos pelos modelos RM e R para as características em estudo.

Efeito Aditivo	PESNAS		PES205		GP185*		PES390		CE390		MUSC390	
	(kg)		(kg)		(kg)		(kg)		(cm)		(pt)	
Direto	RM	R	RM	R	RM	R	RM	R	RM	R	RM	R
A	-2,09	-0,46	15,20	-23,50	7,37	21,84	22,57	-1,66	2,39	2,64	0,42	0,209
EP	0,24	0,15	1,61	1,04	2,60	1,98	3,05	2,40	0,68	0,62	0,10	0,091
P < t	<0,0001	0,0024	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	0,4892	0,0004	<0,0001	<0,0001	0,0215
B	-3,90	-0,44	17,24	11,00	4,47	5,48	21,71	16,48	4,77	4,63	0,24	0,165
EP	0,23	0,17	1,55	1,19	2,45	2,16	2,93	2,58	0,66	0,64	0,11	0,100
P < t	<0,0001	0,0107	<0,0001	<0,0001	0,0500	0,0410	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	0,0235	0,0987
C	-1,50	1,63	6,30	1,07	22,89	20,77	29,19	21,84	1,74	2,82	-0,31	-0,113
EP	0,50	0,44	3,69	3,40	6,30	5,90	6,15	5,64	1,19	1,12	0,22	0,207
P < t	0,0025	0,0002	0,0879	0,7536	<0,0001	<0,0001	<0,0001	0,0001	0,1415	0,0123	0,1702	0,5852

[†]Efeitos genéticos aditivos estimados como desvios do tipo biológico N a partir dos coeficientes de regressão lineares para 100% do tipo biológico;

*estimado como diferença das estimativas de pes390-pes205;

4.4.1. Peso ao Nascimento

Para peso ao nascimento quanto ao tipo biológico do indivíduo (TBI), os modelos estimam efeitos aditivos negativos, exceto para o TBI C pelo modelo R, e significativos ($P < 0,03$), como desvios do tipo biológico N, iguais a $-0,021 \text{ kg}/\%A$ e $-0,005 \text{ kg}/\%A$, $-0,039 \text{ kg}/\%B$ e $-0,004 \text{ kg}/\%B$, $-0,015 \text{ kg}/\%C$ e $0,016 \text{ kg}/\%C$ para os modelos RM e R, respectivamente (Figura 9).

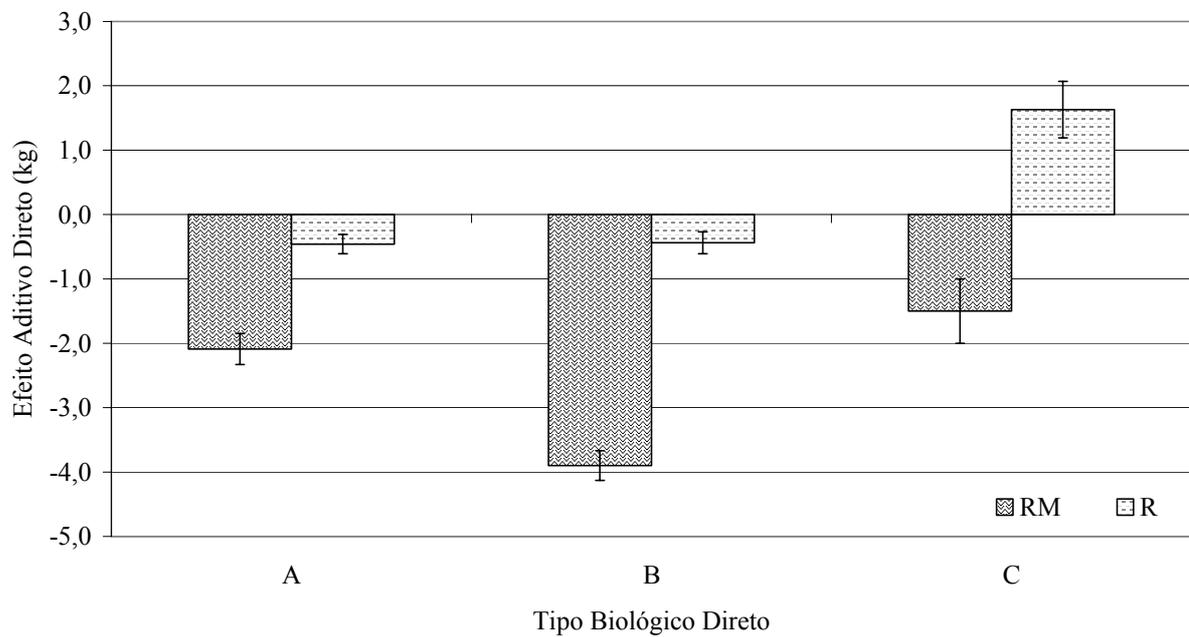


Figura 9. Estimativas dos efeitos aditivos diretos estimados como desvios do tipo biológico N, pelos modelos de análise RM e R para peso ao nascimento de bovinos compostos.

As estimativas foram concordantes em direção e discordantes em magnitudes para os TBIs A e B entre os modelos RM e R, porém, para o tipo biológico C os efeitos foram discordantes em direção e magnitude. Neste caso, de uma forma geral o TB N do indivíduo proporciona maiores pesos ao nascimento, o que parece ser contraditório às expectativas. Exceção cabe à estimativa do modelo R para o TBI C que promove PESNAS maiores em relação ao TBI N, o que é esperado em termos práticos, pois o grupo das raças continentais gera bezerros mais pesados ao nascimento, como relatado por Franke et al. (2001) quando compararam animais da raça Charolês a animais Brahman. Estes autores também estimaram efeitos negativos ($-2,6$ a $-5,6 \text{ kg}$) para a contribuição das raças britânicas em relação às raças zebuínas.

Arthur et al. (1994) já haviam observado a mesma situação em que o efeito direto da raça britânica Hereford variava de -3,8 a -1,7 kg ($P>0,05$) como desvios da raça Brahman, nas condições das pastagens na Austrália. Na mesma linha de estudo, Arthur, Hearnshaw e Stephenson (1999) relatam valores de -7,8 kg e -1,7 kg da raça Hereford como desvio da raça Brahman, que variaram conforme o clima regional australiano.

De forma discordante, nos resultados do trabalho realizado por Perotto, Abraão e Cubas (1999) com Nelore e mestiços de Red Angus com Nelore, o efeito da raça européia não foi significativo ($P>0,05$) com desvio de -1,2 kg.

Em outro estudo (PRAYAGA, 2003) os efeitos raciais diretos apresentaram divergências ao deste trabalho e, foram iguais a -2,0 kg para o tipo biológico Sanga, -4,0 kg para o tipo biológico Britânico e 3,3 kg para o tipo biológico Continental, como desvios do tipo biológico zebu, a partir da adaptação dos resultados. Sendo as estimativas originais significativas ($P<0,01$) e iguais a: 2,0 kg (Sanga), 4,0 kg (Zebu) e, 7,3 kg (Continental) como desvios do grupo Britânico.

Para o TB B os resultados foram semelhantes aos encontrados por Teixeira (2004) para o qual, os efeitos aditivos diretos do TB B, das raças Hereford e Angus, foram respectivamente de -0,19 kg ($P<0,01$) e -0,14 kg ($P>0,05$) como desvios da raça Nelore.

4.4.2. Peso ao Desmame

Para peso ao desmame, os modelos estimaram efeitos aditivos para os tipos biológicos, como desvio do tipo biológico N, significativos ($P<0,0001$) exceto para o efeito do TB C ($P>0,05$), iguais a 0,152 kg/%A e -0,235 kg/%A, 0,172 kg/%B e 0,110 kg/%B, 0,063 kg/%C e 0,011 kg/%C para os modelos RM e R, respectivamente (Figura 10).

Os efeitos estimados para tipo biológico A são discordantes em direção e magnitude para os modelos. Tal ocorrido pode ser devido à estimativa do modelo R estar superestimada pelo efeito do tipo biológico materno. Além disto, de uma forma geral o TB C foi o mais similar ao TB N, para ambos os modelos utilizados.

No trabalho de Franke et al. (2001) as diferenças estimadas em relação à raça Brahman variaram de 0,0 a 9,2 kg para as raças Britânicas e foi de 31,1 kg para a raça Charolês. Resultados similares aos que foram sugeridos por Arthur et al. (1994) que estimaram efeito racial direto positivo (18,6 a 23,3 kg) da raça Hereford como desvio da raça Brahman, porém não significativos ($P>0,05$).

Para o TB B os resultados de Arthur, Hearnshaw e Stephenson (1999) são concordantes ao deste estudo, com valores de -11,2 kg e 22,9 kg para a raça Hereford como desvios da raça Brahman, de acordo com o clima regional australiano, em modelo que incluiu o efeito de epistasia direta e materna.

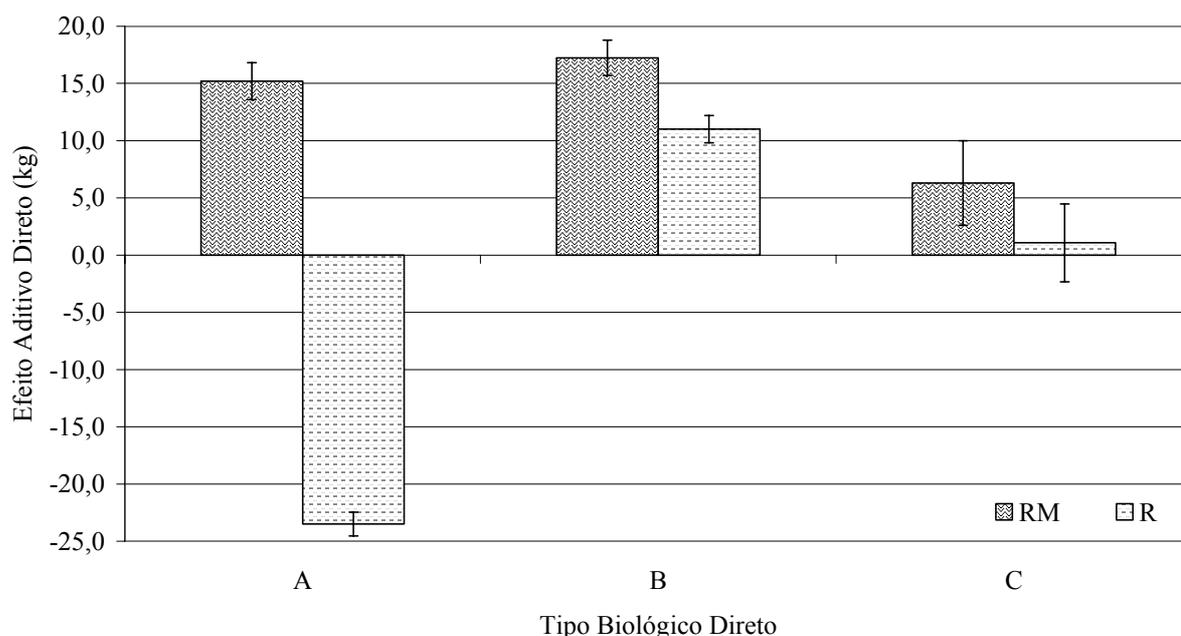


Figura 10. Estimativas dos efeitos aditivos diretos estimados como desvios do tipo biológico N, pelos modelos de análise RM e R para peso ao desmame de bovinos compostos.

No trabalho realizado por Perotto, Abrahão e Cubas (1999), com Nelore e mestiços de Red Angus com Nelore, o efeito da raça européia foi de -14,9 ($P > 0,05$), porém não foi incluído no modelo o efeito da raça materna.

Adaptando-se os dados de Prayaga (2003) os efeitos raciais diretos foram iguais a 0,4 kg para o grupo Sanga, -16,0 kg para o grupo Britânico e 30,4 kg para grupo Continental, como desvios do tipo biológico zebu, sendo as estimativas originais iguais a 16,4 kg (Sanga), 16,0 kg (Zebu) e, 46,4 kg (Continental) e significativas ($P < 0,01$) como desvios do grupo Britânico.

Teixeira (2004) estimou efeitos aditivos diretos para as raças Hereford e Angus, respectivamente de 9,5 kg ($P < 0,01$) e 20,6 kg ($P < 0,01$) como desvios da raça Nelore.

Os resultados dos autores supracitados, de um modo geral relatam estimativas semelhantes às encontradas neste estudo.

4.4.3. Peso aos 390 dias

Para PES390, os modelos estimam efeitos aditivos como desvios do tipo biológico N em relação aos TBIs iguais a 0,226 kg/%A e -0,017 kg/%A, 0,217 kg/%B e 0,165 kg/%B, 0,292 kg/%C e 0,218 kg/%C para os modelos RM e R, respectivamente (Figura 11).

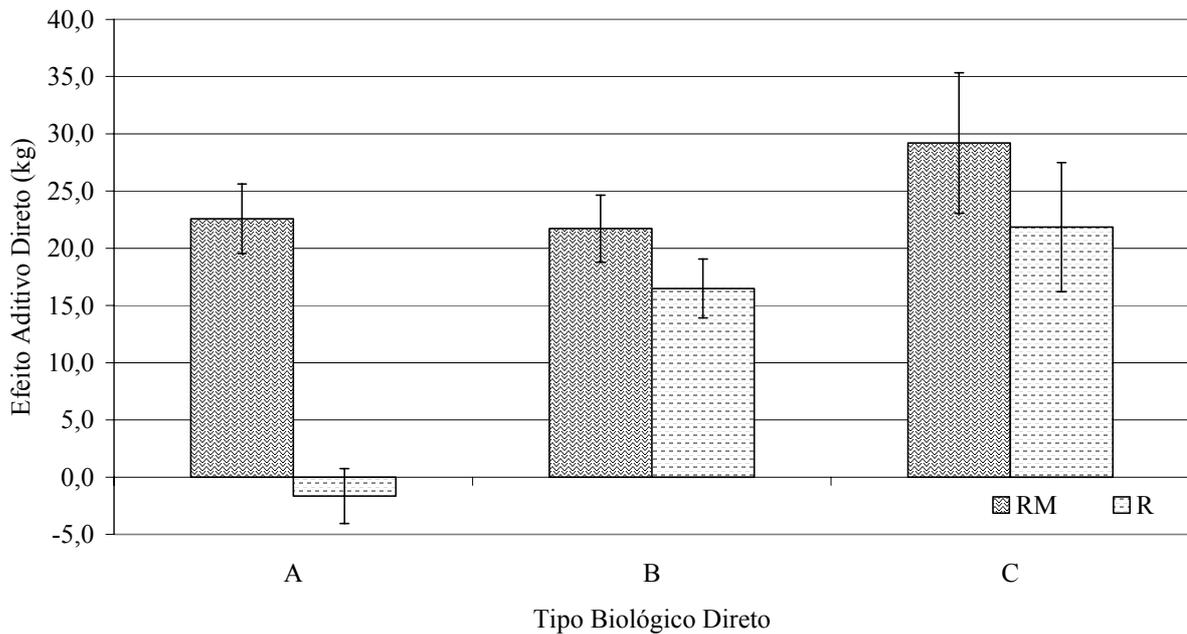


Figura 11. Estimativas dos efeitos aditivos diretos estimados como desvios do tipo biológico N, pelos modelos de análise RM e R para peso aos 390 dias de bovinos compostos.

Os modelos em geral fornecem estimativas similares e significativas ($P < 0,0001$), mas os efeitos estimados para o tipo biológico A são distintos em magnitude, sobretudo pelo fato do modelo R estimar um efeito não significativo ($P = 0,48$), que pode ter ocorrido por confundimentos entre os efeitos aditivos no modelo.

Nesta fase, a capacidade de crescimento do animal e a possibilidade de ganho compensatório, promovem aos animais com dos TBIs A, B e C maiores pesos aos 390 dias quando comparados com animais do TBI N.

No trabalho realizado por Perotto, Abrahão e Cubas (1999), com Nelore e mestiços de Red Angus com Nelore, o efeito da raça européia foi negativo ($P > 0,05$), igual a -25,9 kg, porém não foi incluído no modelo o efeito da raça materna, o que é muito diferente da estimativa obtida no presente estudo.

Os resultados deste trabalho são confirmados para o TB C, mas divergem para o TB B, quando se utilizam os dados adaptados de Prayaga (2003), em que os efeitos raciais diretos foram iguais a 25,7 kg para o tipo Continental e -24,0 kg para o tipo Britânico, como desvios do tipo biológico Zebu. Sendo as estimativas originais iguais a: 24,0 kg (Zebu) e, 49,7 kg (Continental) e significativas ($P < 0,01$) como desvio do grupo Britânico.

Porém os resultados obtidos para o TB B são similares aos de Teixeira (2004), que estimou para peso ao sobreano, efeitos aditivos diretos significativos ($P < 0,01$) das raças Hereford e Angus, respectivamente de 25,6 kg e 32,5 kg, como desvios do TBI N.

4.4.4. Ganho de Peso do Desmame aos 390 dias

Para GP185, os modelos estimam efeitos aditivos como desvio do tipo biológico N em relação aos TBIs iguais a 0,074 kg/%A e 0,218 kg/%A, 0,045 kg/%B e 0,055 kg/%B, 0,229 kg/%C e 0,208 kg/%C para os modelos RM e R, respectivamente (Figura 12).

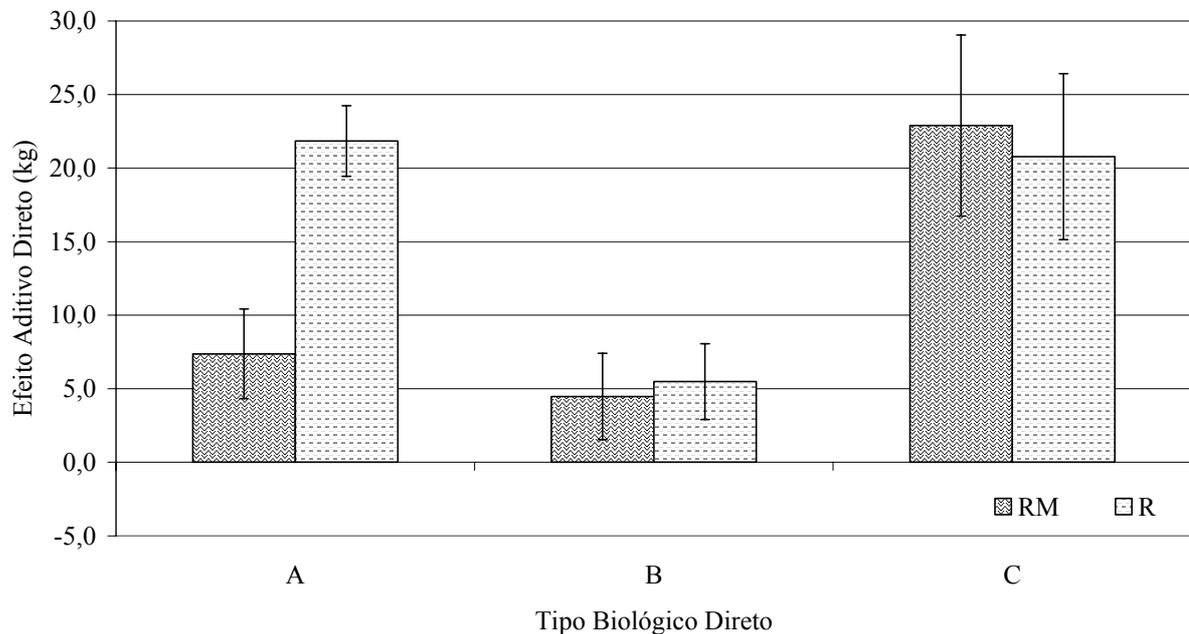


Figura 12. Estimativas dos efeitos aditivos diretos estimados como desvios do tipo biológico N, pelos modelos de análise RM e R para ganho de peso do desmame aos 390 dias de bovinos compostos.

No trabalho realizado por Perotto, Abrahão e Cubas (1999), com Nelore e mestiços de Red Angus com Nelore, o efeito da raça européia foi igual a -1,1 kg (dado adaptado para GP185). O valor original relatado pelos autores foi de -0,006 kg/dia ($P < 0,05$).

Os efeitos diretos dos tipos biológicos foram iguais a -4,2 kg para o tipo biológico Sanga, -15,3 kg para o tipo Britânico e 2,7 kg para o tipo Continental, como desvios do tipo biológico zebu, com dados adaptados de Prayaga (2003), sendo as estimativas originais iguais a: 59,8 g/dia (Sanga), 82,6 g/dia (Zebu) e, 97,2 g/dia (Continental) e significativas ($P < 0,01$) como desvio do grupo Britânico.

Teixeira (2004) estimou para ganho de peso da desmama ao sobreano, efeitos aditivos diretos significativos ($P < 0,01$) das raças Hereford e Angus, respectivamente de 15,1 kg e 14,9 kg, como desvios da raça Nelore.

Os resultados dos trabalhos de Perotto, Abrahão e Cubas (1999) e Prayaga (2003) para GP185 são discordantes dos encontrados neste estudo, e os resultados de Teixeira (2004) são concordantes ao deste estudo.

4.4.5. Perímetro Escrotal aos 390 dias

Para circunferência escrotal aos 390 dias, os modelos estimam efeitos aditivos como desvios do tipo biológico N em relação aos TBIs iguais a 0,0239 cm/%A e 0,0264 cm/%A, 0,0477 cm/%B e 0,0463 cm/%B, 0,0174 cm/%C e 0,0282 cm/%C para os modelos RM e R, respectivamente (Figura 13).

Os modelos fornecem estimativas semelhantes em sentido e magnitude e todas foram significativas ($P < 0,02$) à exceção daquela estimada pelo modelo RM para o TBI C que foi significativamente semelhante ($P = 0,14$) à contribuição do TBI N.

Estes resultados podem ser comparados ao de Prayaga (2004), no qual os efeitos raciais diretos foram iguais a 0,68 cm e 0,34 cm para o tipo biológico Sanga, 2,91 cm e 1,40 cm para o tipo Britânico e, -0,16 cm e 0,77 cm o tipo Continental, como desvios do tipo biológico zebu, respectivamente para CE ajustada e não ajustada para peso. As estimativas originais foram -22,3 e -10,6 mm ($P > 0,05$) (Sanga), -29,1 mm e -14,0 mm (Zebu) e, -30,7 e -6,3 mm ($P > 0,05$) (Continental) em geral significativas ($P < 0,01$) como desvio do grupo Britânico, respectivamente para CE ajustada e não ajustada para peso.

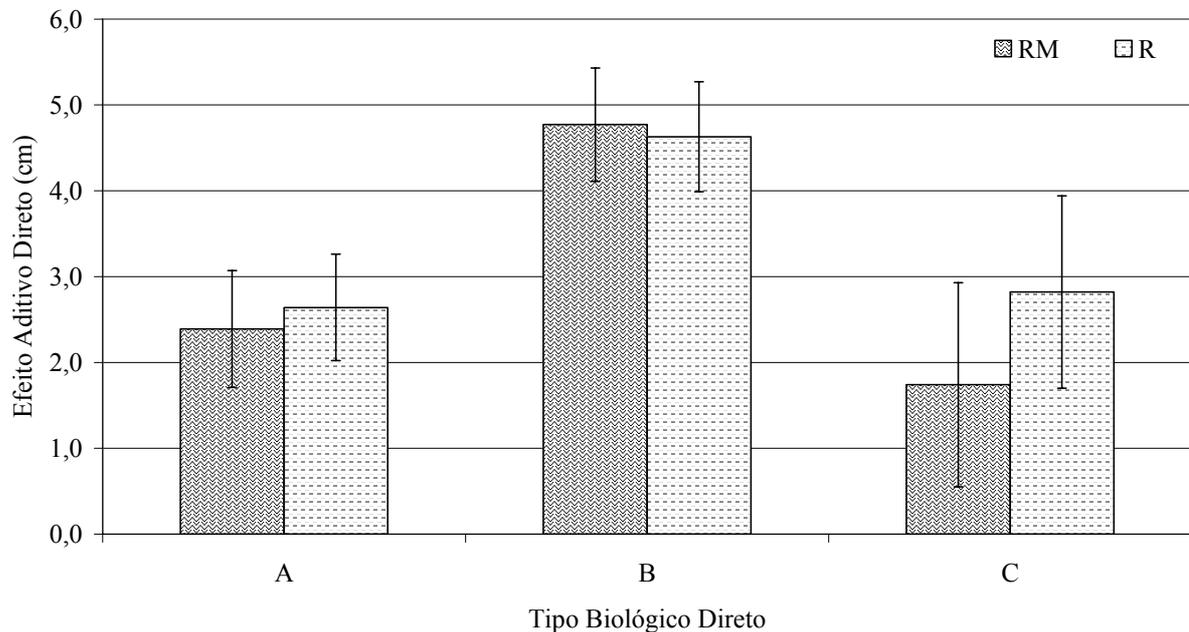


Figura 13. Estimativas dos efeitos aditivos diretos estimados como desvios do tipo biológico N, pelos modelos de análise RM e R para perímetro escrotal aos 390 dias de bovinos compostos.

Resultados muito semelhantes ao do presente estudo, para efeitos aditivos diretos sobre perímetro escrotal os desmame, foram encontrados por Teixeira (2004), no qual os efeitos aditivos diretos das raças Hereford e Angus foram significativos ($P < 0,01$), respectivamente de 4,1 cm e 5,1 cm como desvios da raça Nelore.

4.4.6. Escore de Musculosidade aos 390 dias

Para escore de musculosidade aos 390 dias, os modelos estimaram efeitos aditivos como desvio do tipo biológico N em relação aos TBIs iguais a 0,0042 ponto/%A e 0,0021 ponto/%A, 0,0024 ponto/%B e 0,0017 ponto/%B, -0,0031 ponto/%C e -0,0011 ponto/%C para os modelos RM e R, respectivamente (Figura 14).

Neste caso, os modelos fornecem estimativas similares, mas os efeitos do TBI C não foram distintos ($P < 0,05$) do TBI N. Os resultados são indicadores que os TBI A e B contribuíram favoravelmente para a melhoria dos escores de musculosidade.

Não foram encontrados relatos científicos que possibilitassem a comparação adequada com os resultados obtidos neste estudo.

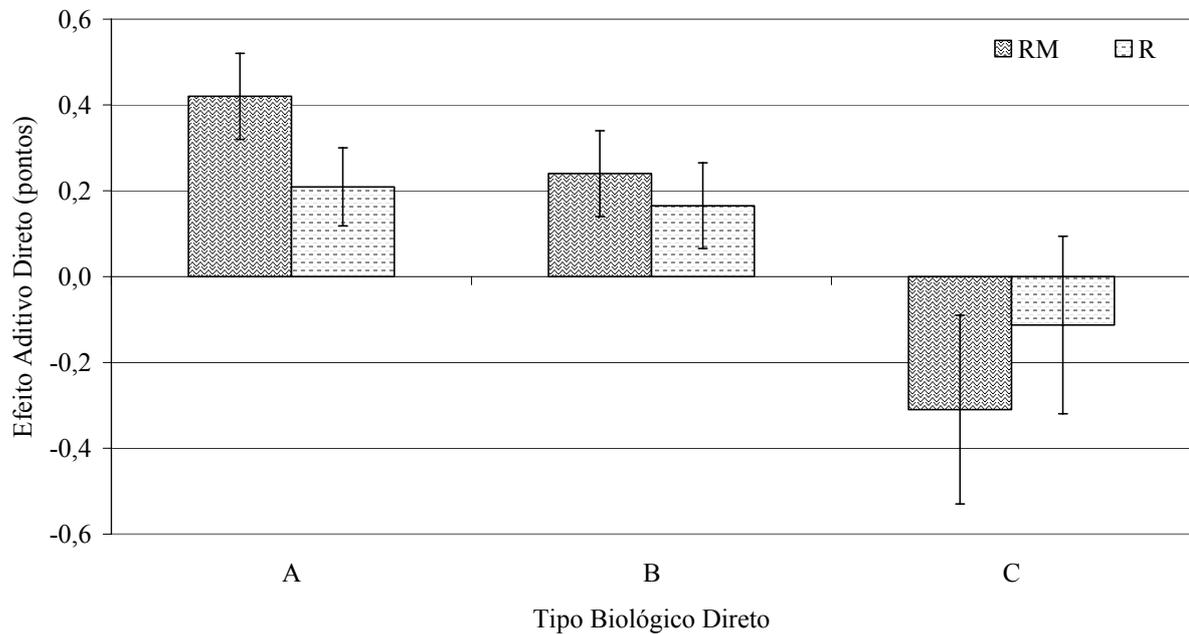


Figura 14. Estimativas dos efeitos aditivos diretos estimados como desvios do tipo biológico N, pelos modelos de análise RM e R para escore de musculosidade aos 390 dias de bovinos compostos.

4.5. Efeitos das Heterozigoses Diretas e Maternas

As estimativas dos efeitos de heteroses, obtidas a partir das análises de variância dos modelos RM, R e H, relacionadas às heterozigoses diretas e maternas entre os tipos biológicos NABC, estão presentes na Tabela 16, expressos para 100% das heterozigoses.

Tabela 16. Estimativas dos efeitos não aditivos das heterozigoses (Hz) estimados utilizando-se os modelos RM, R e H, para as características em estudo^{VI}.

Hz	PESNAS (kg)			PES205 (kg)			GP185* (kg)			PES390 (kg)			CE390 (cm)			MUSC390 (pt)		
	RM	R	H	RM	R	H	RM	R	H	RM	R	H	RM	R	H	RM	R	H
NxA	0,81	-0,83	-0,85	0,39	24,99	19,76	-5,87	-7,89	-6,91	-5,48	17,10	12,84	0,52	-0,51	-2,01	-0,084	0,157	0,099
EP	0,16	0,10	0,09	1,13	0,69	0,67	2,14	1,22	1,12	2,57	1,47	1,30	0,63	0,36	0,26	0,097	0,055	0,044
P < t	<0,0001	<0,0001	<0,0001	0,7281	<0,0001	<0,0001	<0,05	<,01	<0,01	0,0327	<0,0001	<0,0001	0,4027	0,1521	<0,0001	0,3852	0,0041	0,0236
NxB	1,36	-1,15	-1,15	3,82	8,49	19,79	9,34	15,23	8,52	13,16	23,72	28,31	0,66	-0,05	-0,64	0,171	0,320	0,235
EP	0,15	0,10	0,08	1,00	0,69	0,57	2,09	1,32	1,05	2,51	1,55	1,20	0,65	0,42	0,27	0,099	0,059	0,041
P < t	<0,0001	<0,0001	<0,0001	0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,01	<0,01	<0,01	<0,0001	<0,0001	<0,0001	0,3100	0,9090	0,0203	0,0855	<0,0001	<0,0001
NxC	0,43	-1,86	-0,78	6,73	10,41	16,79	-4,38	3,01	3,84	2,36	13,42	20,63	1,60	0,25	-1,56	0,463	0,462	0,227
EP	0,28	0,24	0,10	2,02	1,79	0,65	3,76	3,14	1,21	3,88	3,04	1,41	0,88	0,67	0,34	0,146	0,111	0,048
P < t	0,1206	<0,0001	<0,0001	0,0008	<0,0001	<0,0001	ns	ns	<0,05	0,5440	<0,0001	<0,0001	0,0684	0,7074	<0,0001	0,0015	<0,0001	<0,0001
AxB	0,47	1,26	1,09	8,34	24,29	22,19	-0,04	-6,69	-3,00	8,30	17,60	19,19	0,40	0,25	0,68	0,149	0,213	0,240
EP	0,14	0,10	0,09	0,94	0,71	0,65	1,40	1,05	0,98	1,60	1,20	1,12	0,28	0,22	0,21	0,052	0,041	0,037
P < t	0,0005	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	ns	<0,01	<0,01	<0,0001	<0,0001	<0,0001	0,1549	0,2540	0,0011	0,0043	<0,0001	<0,0001
AxC	0,29	0,54	1,39	6,38	29,57	21,79	-5,43	-15,38	-3,38	0,95	14,20	18,41	0,84	1,13	0,64	0,265	0,519	0,408
EP	0,25	0,23	0,11	1,92	1,79	0,74	3,22	2,98	1,12	3,13	2,85	1,29	0,56	0,52	0,24	0,108	0,100	0,043
P < t	0,2547	0,0197	<0,0001	0,0009	<0,0001	<0,0001	<0,05	<0,01	<0,01	0,7615	<0,0001	<0,0001	0,1348	0,0286	0,0072	0,0144	<0,0001	<0,0001
BxC	0,17	-0,02	0,90	3,73	10,09	19,58	-4,52	-7,34	-3,80	-0,79	2,75	15,78	1,71	1,82	2,25	0,347	0,468	0,326
EP	0,25	0,25	0,13	1,90	1,89	0,93	3,20	3,15	1,43	3,14	3,11	1,67	0,58	0,57	0,31	0,111	0,109	0,055
P < t	0,5091	0,9406	<0,0001	0,0500	<0,0001	<0,0001	ns	<0,05	<0,05	0,8022	0,3759	<0,0001	0,0030	0,0014	<0,0001	0,0017	<0,0001	<0,0001
MT	0,40	0,64	0,63	4,75	3,89	4,12	-5,87	-1,95	-1,64	2,51	1,94	2,48	0,08	0,10	0,12	-0,017	-0,019	-0,022
EP	0,05	0,05	0,05	0,36	0,35	0,34	0,50	0,49	0,49	0,59	0,59	0,58	0,11	0,11	0,11	0,019	0,019	0,019
P < t	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,01	<0,05	<0,05	<0,0001	0,0009	<0,0001	0,4627	0,3334	0,2707	0,3661	0,3242	0,2462

^{VI}Efeitos genéticos não aditivos expressos para 100% de heterozigose;

4.5.1. Peso ao Nascimento

Para peso ao nascimento o modelo RM estimou efeitos de heterose positivos ou próximos a zero, sendo significativos ($P < 0,05$) somente os efeitos de heterose para as heterozigoses entre NxA, NxB, AxB, MT, respectivamente iguais a 0,008 kg/%, 0,014 kg/%, 0,005 kg/% e 0,004 kg/%. Para o modelo R os efeitos de heterose foram significativos ($P < 0,02$) para as heterozigoses NxA, NxB, NxC, AxB, AxC e MT, respectivamente -0,008 kg/%, -0,012 kg/%, -0,019 kg/%, 0,013 kg/%, 0,005kg/% e 0,006 kg/%. Finalmente, para o modelo H todas as heteroses foram significativas ($P < 0,0001$), sendo os coeficientes iguais a -0,009 kg/%, -0,012 kg/%, -0,009 kg/%, 0,011 kg/%, 0,014 kg/%, 0,009 kg/% e 0,006 kg/%, respectivamente para as heterozigoses NxA, NxB, NxC, AxB, AxC, BxC e MT.

Os modelos R e H parecem fornecer estimativas semelhantes entre si, e discordantes em relação ao modelo RM. Isto pode ter ocorrido devido à impossibilidade dos modelos R e H, em discriminar os efeitos de heterose dos efeitos de origem materna. Nesta característica o efeito de tipo biológico materno foi de grande magnitude, como observado na Figura 15.

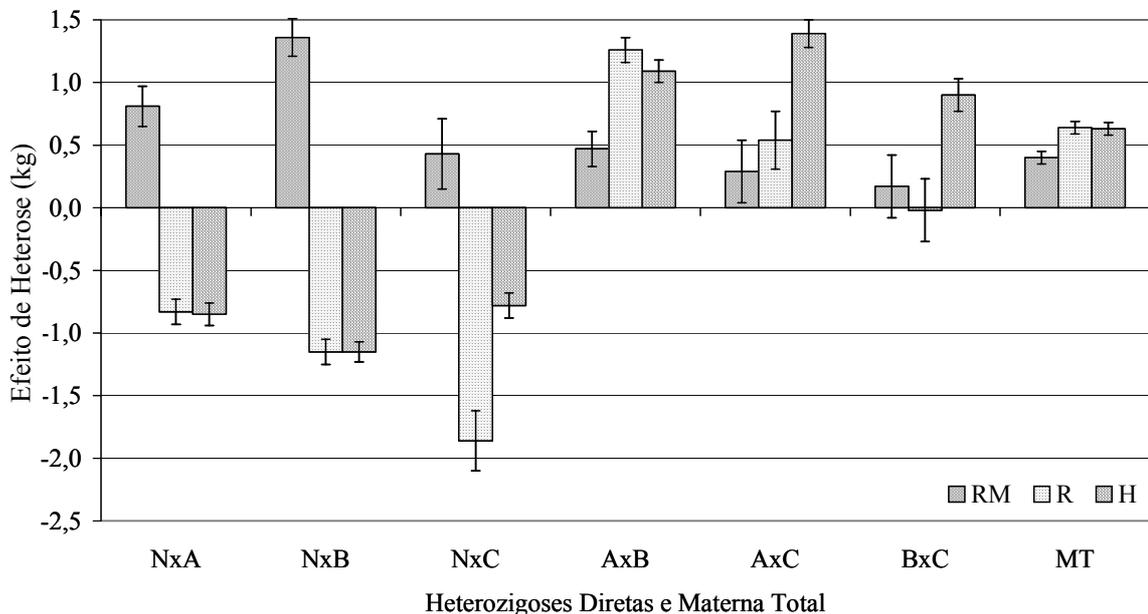


Figura 15. Estimativas dos efeitos das heteroses diretas e materna, estimadas pelos modelos de análise RM, R e H para peso ao nascimento de bovinos compostos.

Os valores estimados neste trabalho são similares ao relatados por Arthur et al. (1994). Entretanto, estes autores de modo geral não encontraram efeitos significativos das

heteroses direta e materna entre Hereford e Brahman sobre PESNAS, à exceção de heterose direta em ambiente com pastagens de qualidade mediana. Posteriormente, Franke et al. (2001) trabalhando com cruzamentos entre Brahman, Angus, Hereford e Charolês encontraram heteroses maternas com efeitos que variaram de -2,9 kg a 1,9 kg para as diferentes heterozigoses e não significativas ($P>0,05$) em geral. As heteroses diretas foram importantes ($P<0,01$) entre a raça Brahman e as raças britânicas (Angus e Hereford) e a raça Continental Charolês, com efeitos variando de 5,1 kg a 5,3 kg. Ressaltam ainda a existência de heterose de 2,5 kg ($P<0,01$) entre Angus e Hereford e ausência de heterose para PESNAS entre as raças britânicas e continentais.

As estimativas deste trabalho são menores que os de Arthur, Hearnshaw e Stephenson (1999) que relatam valores de 3,1 kg ($P>0,05$) e 9,1 kg ($P<0,01$) para heterose direta e, -0,7 kg e 0,3 kg ($P>0,05$) para heterose materna, entre Hereford e Brahman, respectivamente, para as populações criadas no clima temperado e no subtropical australiano, em modelo que incluiu os efeitos de epistasia direta e materna.

Porém as estimativas são muito semelhantes às de Perotto, Abrahão e Cubas (1999), em trabalho desenvolvido no Brasil com mestiços de Red Angus com Nelore, os efeitos das heteroses individual e materna foram de 1,4 kg ($P>0,05$) e 2,8 kg ($P<0,001$), respectivamente.

Em trabalho de revisão Burrow et al. (2001) encontraram heterose direta média entre taurinos de 0,78 kg (16 estudos) e entre taurinos e zebuíno (TxZ) de 3,3 kg (quatro estudos), em termos percentuais, representaram 2,4% e 11,1%. Para heterose materna média entre taurinos de 0,7 kg (1,8% em treze estudos) e 1,9 kg (5,8% em seis estudos) para TxZ.

Para Prayaga (2003) as heteroses diretas variaram de 0,2 kg a 1,7 kg e, as maternas variaram de -1,5 kg a 1,1 kg entre os tipos biológicos Sanga, Britânico, Continental e zebu. Pequenas magnitudes de 0,29 kg e 0,14 kg, para heterose direta e materna, foram encontradas por Abdel-Aziz, Schoeman e Jordaan (2003) que trabalharam com cruzamentos entre Afrikander e raças européias na África do Sul.

Teixeira (2004) estimou efeitos não aditivos importantes entre as raças Hereford e Angus com Nelore, que foram respectivamente de 1,5 a 1,8 kg para a heterose direta e -0,6 kg a 0,07 kg para heterose materna.

A literatura consultada de modo geral confirma as estimativas encontradas neste estudo.

4.5.2. Peso ao Desmame

Para o peso ao desmame todos os modelos estudados estimaram efeitos de heterose positivos e significativos ($P < 0,05$), à exceção para NxA estimada pelo modelo RM que não foi significativa ($P = 0,73$) (Figura 16).

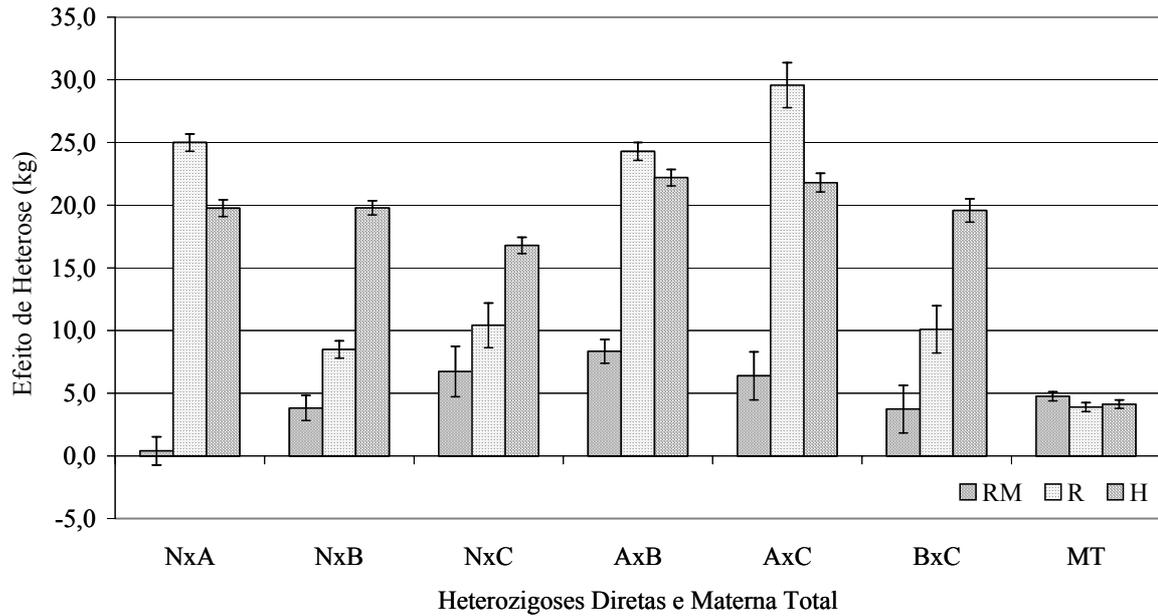


Figura 16. Estimativas dos efeitos das heteroses diretas e materna, estimadas pelos modelos de análise RM, R e H para peso ao desmame de bovinos compostos.

Os modelos R e H parecem fornecer estimativas semelhantes entre si, e discordantes quanto às maiores magnitudes em relação ao modelo RM. Cabe aqui considerar a impossibilidade de discriminar os efeitos de heterose dos efeitos de origem materna por partes dos modelos R e H, sobretudo pelo fato de que nesta característica o efeito de tipo biológico materno foi de grande magnitude como pode ser observado (Figuras 4 e 10).

O estudo de Arthur et al. (1994) encontrou efeitos de 19,7 kg a 24,9 kg para heterose direta e, de 14,9 kg a 37,8 kg para heterose materna entre as raças Hereford e Brahman, estimativas geralmente significativas ($P < 0,05$). Posteriormente, no trabalho de Franke et al. (2001) as heteroses diretas variaram de 8,2 kg a 38,6 kg, e as maternas de -5,3 kg e 16 kg, entre as raças Angus, Hereford, Charolesa e Brahman criadas em ambiente subtropical. Estas estimativas apresentaram maiores magnitudes que as obtidas pelo modelo RM, estando mais

próximas das estimativas de R e H, contrapondo uma possível inflação atribuída a estes modelos.

Arthur, Hearnshaw e Stephenson (1999) relatam valores de 28,0 kg e 53,5 kg ($P < 0,01$) para heterose direta e, 22,5 kg ($P > 0,05$) e 72,6 kg ($P < 0,01$) para heterose materna, entre Hereford e Brahman, respectivamente, e de acordo com o clima temperado e subtropical australiano, em modelo que incluiu o efeito de epistasia direta e materna, sendo significativas no ambiente subtropical.

Em trabalho de revisão Burrow et al. (2001) encontraram heterose média entre taurinos de 7,4 kg (16 estudos) e entre taurinos x zebuínos (TxZ) de 21,7 kg (dez estudos), em termos percentuais iguais a 3,9% e 12,6%. Para heterose média materna 8,2 kg (3,9% em treze estudos) entre taurinos e 31,1 kg (16,0% em doze estudos) entre TxZ.

No trabalho realizado por Perotto, Abrahão e Cubas (1999), desenvolvido no Brasil com mestiços de Red Angus com Nelore, os efeitos das heteroses individual e materna foram significativos ($P < 0,001$) e iguais a 30,5 kg e 27,2 kg, respectivamente. Ainda no Brasil Dal-Farra, Roso e Schenkel, (2002) estimaram para o ganho de peso pré-desmama um efeito de 13,2 kg para heterose materna e de 14,7 kg para heterose direta em população mestiça de Angus x Nelore e Hereford x Nelore.

No estudo de Prayaga (2003) as heteroses diretas entre taurinos (TT), zebuínos (ZZ) e taurinos x zebuínos (TZ) foram de 5,8 kg para ZZ, 11,4 kg para TZ e 6,2 kg para TT, e as maternas variaram de 1,4 kg para ZZ ($P > 0,05$) a 15,7 kg para TZ ($P < 0,01$).

Pequenas magnitudes, de 5,34 kg e 2,19 kg para heterose direta e materna, foram encontradas por Abdel-Aziz, Schoeman e Jordaan (2003), que trabalharam com cruzamentos entre Afrikander e raças européias na África do Sul.

Teixeira (2004) estimou efeitos não aditivos importantes entre as raças Hereford e Angus com Nelore, que foram respectivamente de 19,6 e 9,6 kg para heterose direta ($P < 0,01$) e de -14,7 kg e 17,3 kg para heterose materna ($P < 0,01$).

Os trabalhos supracitados em geral relatam estimativas semelhantes às encontradas neste estudo.

4.5.3. Peso aos 390 dias

Para o peso aos 390 dias desmame os modelos R e H estimaram efeitos de heterose positivos e significativos ($P < 0,001$), à exceção para BxC em que o efeito estimado pelo modelo R não foi significativo ($P = 0,38$). Para o modelo RM foram significativamente

importantes ($P < 0,03$), apenas os efeitos de heterose advindos das heterozigotes entre NxA, NxB, AxB e MT, respectivamente iguais a $-0,055$ kg/%, $0,132$ kg/%, $0,083$ kg/% e $0,025$ kg/% (Figura 17).

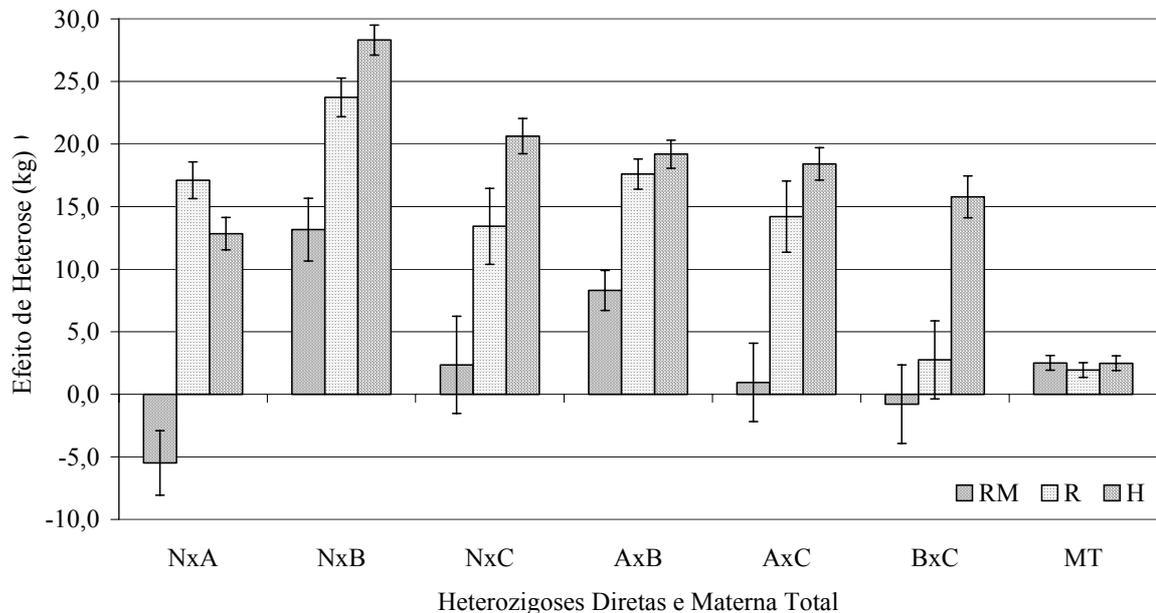


Figura 17. Estimativas dos efeitos das heteroses diretas e materna, estimadas pelos modelos de análise RM, R e H para peso aos 390 dias de bovinos compostos.

Os modelos em geral parecem estimar coeficientes semelhantes entre si quanto à direção, e discordantes quanto às maiores magnitudes em relação ao modelo RM, como observado para os pesos ao nascimento e ao desmame. Expõe-se ainda a semelhança no comportamento do efeito das heterozigotes ao desmame e aos 390 dias.

Segundo Perotto, Abrahão e Cubas (1999), em trabalho desenvolvido no Brasil com mestiços de Red Angus com Nelore, os efeitos das heteroses individual e materna foram de grande magnitude ($P < 0,001$), respectivamente iguais a $55,0$ kg e $19,3$ kg.

No trabalho de revisão desenvolvido por Burrow et al. (2001), a heterose média entre raças taurinas foi de $13,2$ kg como resultado de 27 estudos, equivalente a $3,8\%$ da média populacional. Este estudo não apresenta nenhuma referência com resultados de raças mestiças (taurina x zebuína) e para heterose materna.

Segundo Prayaga (2003) as heteroses diretas entre e dentro de taurinos (T) e zebuínos (Z) foram de $8,6$ kg (ZZ), $17,9$ kg (TZ) significativas ($P < 0,01$) e, $5,7$ kg (TT, $P > 0,05$), as maternas foram significativas ($P < 0,05$) iguais a $8,7$ kg (ZZ), $9,9$ kg (TZ) e $8,4$ kg

(TT). Valores muito semelhantes às estimativas dos modelos RM e H, mas superiores às do modelo RM deste trabalho.

Teixeira (2004) estimou para peso ao sobreano, efeitos não aditivos importantes entre as raças Hereford e Angus com Nelore, que foram respectivamente de 33,8 e 27,1 kg para heterose direta ($P < 0,01$) em geral acima das estimativas encontradas no presente estudo. Para heterose materna os resultados de -5,7 kg e -5,7 kg ($P < 0,01$), são contraditórias às deste trabalho em direção.

4.5.4. Ganho de Peso do Desmame aos 390 dias

Para GP185 o modelo RM estimou efeitos de heterose significativos ($P < 0,01$) advindos das heterozigoses entre NxB e MT respectivamente iguais a 0,124 kg/% e 0,012 kg/%. Para o modelo R os efeitos de heterose foram significativos ($P < 0,05$) para as heterozigoses NxA, NxB, NxC, AxC e MT, respectivamente de -0,0312 kg/%, 0,1374 kg/%, 0,0926 kg/%, -0,0638 kg/% e 0,0111 kg/%. Finalmente para o modelo H as heteroses foram significativas ($P < 0,05$), sendo os coeficientes iguais a -0,0424 kg/%, 0,0663 kg/%, 0,0341 kg/%, -0,0307 kg/%, -0,0726 kg/% e 0,0099 kg/%, respectivamente para as heterozigoses NxA, NxB, NxC, AxC, BxC e MT. A heterose advinda de AxB não foi significativa ($P > 0,10$) sob nenhum modelo estudado (Figura 18).

Apesar dos modelos proporcionarem estimativas dos efeitos de heteroses relativamente semelhantes em termos numéricos, àquelas oriundas do modelo RM apresentaram maiores estimativas dos erros-padrão, que culminaram com a ausência de significância estatística. Isto pode ter ocorrido devido ao grande número de GCs e/ou à grande amplitude das observações para esta característica.

No trabalho realizado por Perotto, Abrahão e Cubas (1999), desenvolvido no Brasil com mestiços de Red Angus com Nelore, os efeitos foram adaptados para GP185, obtendo-se valores de 23,3 kg e -5,4 kg, respectivamente para as heteroses individual e materna. As estimativas originais foram de 0,126 kg/dia e -0,029 kg/dia.

A partir de dados transformados, de g/dia para kg/185 dias, Burrow et al. (2001) em trabalho de revisão, encontraram heterose média entre taurinos de 0,003 g/dia (dezenove estudos) e entre taurinos x zebuínos (TxZ) de 0,116 g/dia (seis estudos), em termos percentuais iguais a 2,6% e 16,2%. Para heterose média materna 8,2 kg (3,9% em treze estudos) entre taurinos e 31,1 kg (16,0% em doze estudos) entre TxZ. Para a mesma adaptação, com os resultados de Prayaga (2003), as heteroses diretas entre e dentro de

taurinos (T) e zebuínos (Z) foram de 2,7 kg (ZZ), 8,3 kg (TZ) e 0,9 kg (TT), e as heteroses maternas de 3,8 kg (ZZ), -4,8 kg (TZ) e -0,2 kg (TT). As estimativas originais foram iguais a: 14,5 g/dia (ZZ), 44,8 g/dia (TZ) significativas ($P < 0,05$) e, 4,9 g/dia (TT, $P > 0,05$) e, para as heteroses maternas de 20,4 g/dia (ZZ) e -25,8 g/dia (TZ) foram significativas ($P < 0,05$) e, -1,2 g/dia (TT) não significativa ($P > 0,05$).

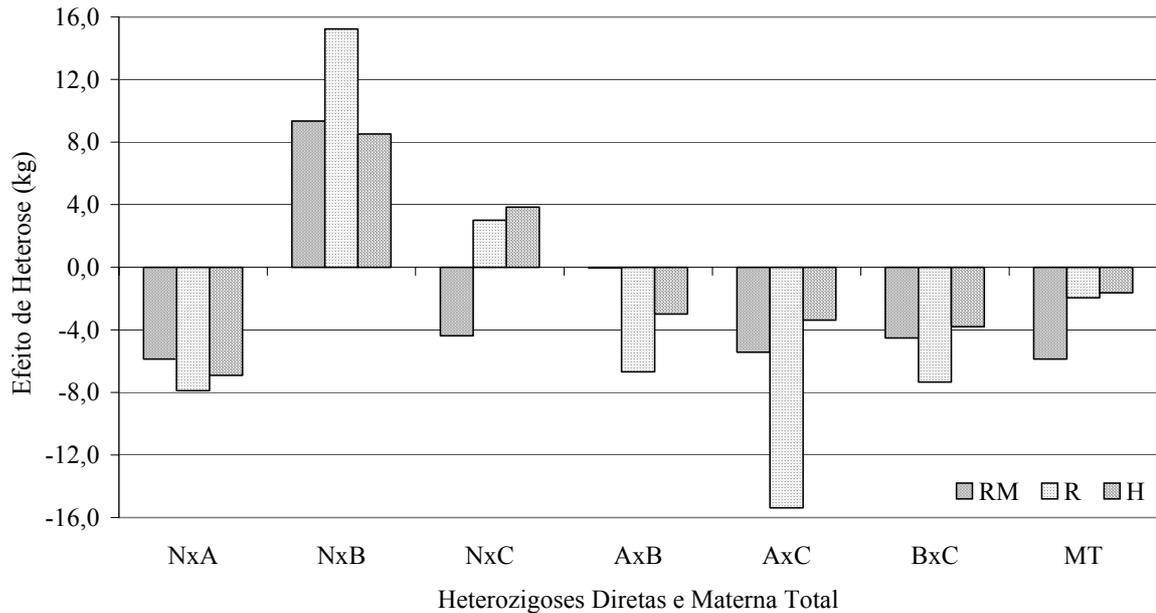


Figura 18. Estimativas dos efeitos das heteroses diretas e materna, estimadas pelos modelos de análise RM, R e H para ganho de peso do desmame aos 390 dias de bovinos compostos.

Teixeira (2004) estimou para ganho de peso do desmame ao sobreano, efeitos não aditivos entre as raças Hereford e Angus com Nelore, que foram respectivamente de 25,2 e 15,7 kg para heterose direta ($P < 0,01$) e -6,8 kg e -14,8 kg para heterose materna ($P < 0,01$).

Os trabalhos supracitados em geral relatam estimativas que contradizem às encontradas neste estudo, talvez pelas diferenças quanto ao modo de cálculo e período de avaliação do ganho de peso. Além disto, esta característica mostra-se fortemente influenciada por efeitos ambientais de difícil controle.

4.5.5. Perímetro Escrotal aos 390 dias

Para perímetro escrotal aos 390 dias o modelo RM estimou efeito de heterose significativo ($P < 0,003$) originado da heterozigose BxC, sendo igual a 0,0171 cm/%. Para o

modelo R os efeitos de heterose foram significativos ($P < 0,03$) para as heterozigoses AxC e BxC, respectivamente de $-0,011$ cm/% e $0,018$ cm/%. Finalmente para o modelo H todas as heteroses foram significativas ($P < 0,02$), à exceção de MT ($P = 0,27$). Sendo os coeficientes iguais a $-0,0201$ cm/%, $-0,0064$ cm/%, $-0,0156$ cm/%, $0,0068$ cm/%, $0,0064$ cm/%, $0,0225$ cm/%, respectivamente para as heterozigoses NxA, NxB, NxC, AxB, AxC e BxC. A heterozigose materna total não foi significativa ($P > 0,27$) em nenhum dos modelos estudados (Figura 19).

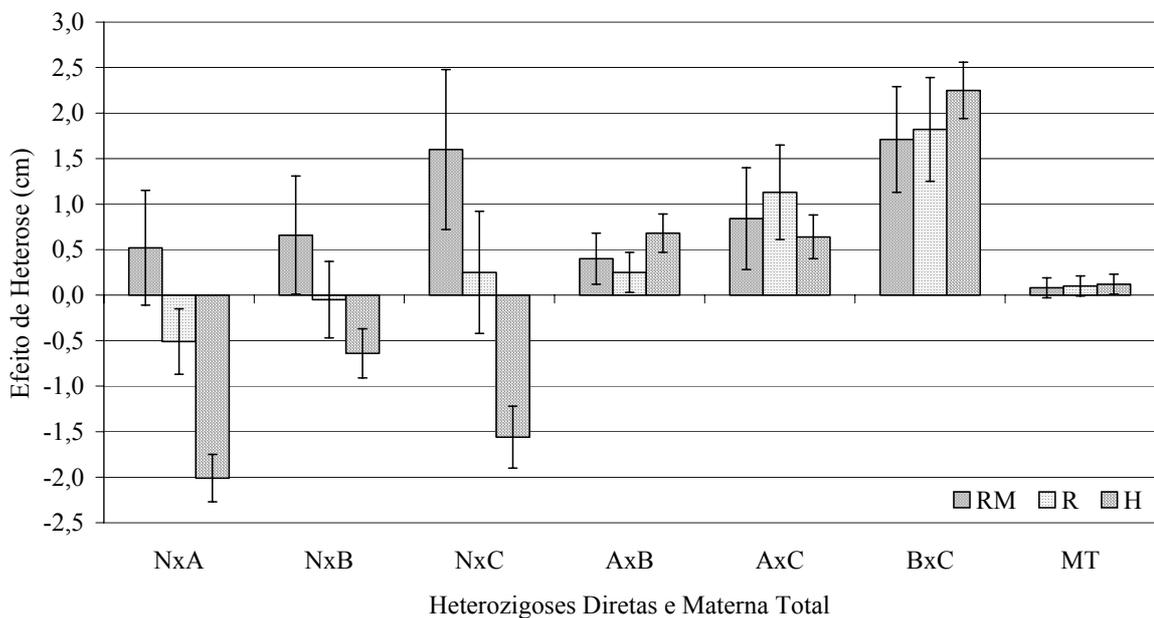


Figura 19. Estimativas dos efeitos das heteroses diretas e materna, estimadas pelos modelos de análise RM, R e H para perímetro escrotal aos 390 dias de bovinos compostos.

Os modelos R e RM em geral parecem fornecer estimativas semelhantes entre si e discordantes em relação ao modelo H. Este comportamento pode ter ocorrido devido à impossibilidade de discriminar os efeitos de heterose dos efeitos genéticos raciais aditivos por parte do modelo H.

Gregory, Cundiff e Koch (1991) identificaram efeito importante da heterose direta sobre o perímetro escrotal para os animais compostos MARC.

No mesmo sentido Prayaga (2004) não observou efeito significativo das heterozigoses diretas e maternas sobre o perímetro escrotal ajustado para peso do animal. A partir dos dados adaptados deste último autor, os efeitos das heteroses direta e materna, entre

os zebuínos e os taurinos, foram importantes ($P < 0,01$), sendo iguais a 1,48 cm e 0,69 cm, respectivamente, quando a CE não foi ajustada para peso.

Teixeira (2004) estimou para perímetro escrotal ao sobreano, heteroses diretas importantes entre as raças Hereford e Angus com Nelore, que foram respectivamente de 0,46 cm ($P < 0,05$) e 1,5 cm ($P < 0,01$).

Os trabalhos supracitados em geral relatam estimativas semelhantes às encontradas neste estudo.

4.5.6. Escore de Musculosidade aos 390 dias

Para escore de musculosidade aos 390 dias, avaliado em escala variando de 1 a 6, o modelo RM estimou efeitos de heterose significativos ($P < 0,01$) originado das heterozigoses entre NxC, AxB, AxC e BxC sendo iguais a 0,0046 ponto/%, 0,0015 ponto/%, 0,0027 ponto/% e 0,0035 ponto/%, respectivamente. Para os modelos R e H os efeitos de heterose foram significativos ($P < 0,02$) para as heterozigoses NxA, NxB, NxC, AxB, AxC e BxC sendo iguais à 0,0016 ponto/%, 0,0010 ponto/%, 0,0032 ponto/%, 0,0024 ponto/%, 0,0046 ponto/%, 0,0023 ponto/%, 0,0021 ponto/%, 0,0024 ponto/%, 0,0052 ponto/%, 0,0041 ponto/%, 0,0047 ponto/%, 0,0033 ponto/%, respectivamente para as heterozigoses e modelos. Apesar da pequena magnitude absoluta destes efeitos eles podem representar um ganho adicional importante em termos relativos sobre o escore de musculosidade médio.

A heterozigose materna total não foi significativa ($P > 0,24$) sob nenhum dos modelos estudados (Figura 20). Possivelmente devido ao escore de musculosidade ser mais dependente dos efeitos genéticos diretos que dos efeitos genéticos maternos, hipótese suportada também pelas pequenas magnitudes dos efeitos genéticos maternos.

Os modelos RM, R e H em geral parecem estimar coeficientes semelhantes entre si, que condizem com os efeitos raciais diretos e maternos de pequenas magnitudes.

Diferindo deste trabalho, para Gregory et al. (1991) a heterose para escore de musculosidade não foi significativo ($P > 0,05$) para os animais compostos MARC.

Porém, no Brasil, Dal-Farra, Roso e Schenkel, (2002) estimaram para escore de musculosidade ao desmame, com escala de um a cinco, efeito de 0,34 ponto para heterose materna e 0,16 ponto para heterose direta em populações mestiças de Angus-Nelore e Hereford-Nelore, sendo concordantes com os do presente estudo.

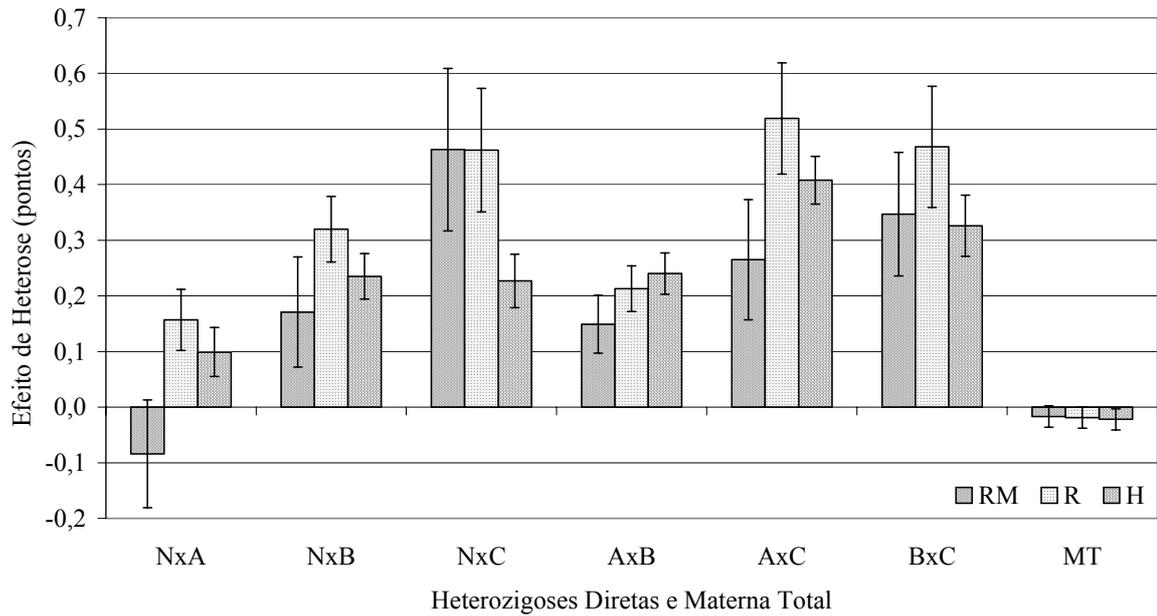


Figura 20. Estimativas dos efeitos das heteroses diretas e materna, estimadas pelos modelos de análise RM, R e H para escore de musculabilidade aos 390 dias de bovinos compostos.

4.6. Predição do Desempenho dos Grupos Genéticos

Os resultados obtidos no processo de predição, utilizando-se as estimativas dos efeitos aditivos e não aditivos, para cada uma das características em estudo, estão presentes nas Tabelas 17, 18, 19, 20, 21 e 22.

Tabela 17. Estimativas das médias ajustadas pelo método dos quadrados mínimos (LSM) e respectivos erros padrão (EP), e predições pelos diferentes modelos (RM, R, e H) para peso ao nascimento, em função dos grupos genéticos, e ainda as correlações entre LSM e as predições e, as diferenças médias das predições em relação à LSM.

Grupo Genético	NABC	LSM (EP)	RM	R	H
Puras	16 0 0 0	33,1	33,1	33,1	33,1
	0 0 16 0	32,4	34,0	32,7	33,2
F ₁	8 8 0 0	32,5	32,9	32,1	32,3
	8 0 8 0	32,2	32,6	31,8	32,0
	8 0 0 8	32,4	32,8	32,1	32,4
³ / ₄	X X 12 X	33,6	34,2	33,0	33,4
	12 X X X	34,2	34,2	32,7	32,9
Montana Tropical [®]	4 4 4 4	33,9	34,3	33,4	33,7
	4 4 8 0	33,4	34,0	33,1	33,4
	4 8 0 4	34,5	34,5	33,6	33,9
	4 8 4 0	34,4	34,5	33,5	33,8
	X X X X	34,0	34,5	33,4	33,7
Outros	X X X X	33,6	33,5	32,7	32,9
Correlação			0,844	0,839	0,799
Diferença Média (kg)			0,3	-0,6	-0,3

O modelo RM em média superestimou em 0,3 kg o PESNAS, enquanto que R e H, subestimaram em 0,6 kg e 0,3 kg, respectivamente. As correlações entre os valores preditos e a média ajustada pelo método dos quadrados mínimos (LSM) foram superiores a 0,799. Arthur, Hearnshaw e Stephenson (1999) encontraram valores de R² para o modelo de predição utilizado para PESNAS, de 42,5% e 25,2%, de acordo com o clima predominante. Porém, Prayaga (2003) relata correlação de 0,95.

Tabela 18. Estimativas das médias ajustadas pelo método dos quadrados mínimos (LSM) e respectivos erros padrão (EP), e predições pelos diferentes modelos (RM, R, e H) para peso ao desmame, em função dos grupos genéticos, e ainda as correlações entre LSM e as predições e, as diferenças médias das predições em relação à LSM.

Grupo Genético	NABC	LSM (EP)	RM	R	H
Puras	16 0 0 0	186,2	186,2	186,2	186,2
	0 0 16 0	192,5	195,8	197,3	186,4
F ₁	8 8 0 0	190,9	194,3	199,3	205,9
	8 0 8 0	199,6	198,7	200,2	206,0
	8 0 0 8	196,4	196,1	197,2	203,0
³ / ₄	X X 12 X	197,7	197,8	200,5	197,5
	12 X X X	196,3	192,8	195,0	198,6
Montana Tropical [®]	4 4 4 4	206,0	202,1	203,9	208,8
	4 4 8 0	207,0	201,3	203,3	204,9
	4 8 0 4	206,2	202,5	204,2	209,5
	4 8 4 0	206,9	201,8	204,6	210,2
	X X X X	195,6	194,1	198,4	205,3
Outros	X X X X	200,1	198,5	199,5	204,6
Correlação			0,930	0,872	0,745
Diferença Média (kg)			-1,5	0,6	3,5

O modelo RM em média subestimou em 1,5 kg o PES205, enquanto que R e H, superestimaram em 0,6 kg e 3,5 kg, respectivamente. Adicionalmente, observam-se correlações entre 0,745 e 0,930 entre os valores preditos e a LSM. Para Arthur, Hearnshaw e Stephenson (1999) o R² foi de 49,2% e 37,3% em modelo de predição estudado para PESDES, de acordo com o clima predominante. Porém, Prayaga (2003) relata correlação de 0,99.

Tabela 19. Estimativas das médias ajustadas pelo método dos quadrados mínimos (LSM) e respectivos erros padrão (EP), e predições pelos diferentes modelos (RM, R, e H) para peso aos 390 dias, em função dos grupos genéticos, e ainda as correlações entre LSM e as predições e, as diferenças médias das predições em relação à LSM.

Grupo Genético	NABC	LSM (EP)	RM	R	H
Puras	16 0 0 0	265,0	265,0	265,0	265,0
	0 0 16 0	275,2	272,9	281,5	265,1
F ₁	8 8 0 0	260,8	270,9	281,1	277,7
	8 0 8 0	285,6	289,0	296,9	293,3
	8 0 0 8	277,6	281,9	289,3	285,6
³ / ₄	X X 12 X	279,3	278,3	287,1	276,4
	12 X X X	272,1	272,3	280,4	278,3
Montana Tropical [®]	4 4 4 4	282,1	281,2	289,7	285,2
	4 4 8 0	280,6	280,4	288,9	282,0
	4 8 0 4	278,2	278,0	286,3	282,0
	4 8 4 0	279,6	277,8	286,9	282,7
	X X X X	274,6	274,3	284,6	280,8
Outros	X X X X	280,2	282,5	290,1	285,6
Correlação			0,875	0,812	0,644
Diferença Média (kg)			1,1	9,0	3,8

Os modelos subestimaram os PES390 em 1,1 kg, 9,0 kg e 3,8 kg, respectivamente para RM, R e H. As correlações entre os valores preditos e a LSM foram de mediana à alta, variando de 0,644 e 0,875. O estudo de Prayaga (2003) relata correlação de 0,94.

Os valores preditos pelos modelos RM e R foram superestimados para GP185 em 0,1 kg e 5,9 kg e, o modelo H subestimou em 2,1 kg, obtendo correlações com a LSM de média magnitude iguais a 0,821, 0,811 e 0,821, respectivamente para os modelos RM, R e H (Tabela 20). O estudo de Prayaga (2003) relata correlação de 0,92.

Tabela 20. Estimativas das médias ajustadas pelo método dos quadrados mínimos (LSM) e respectivos erros padrão (EP), e predições pelos diferentes modelos (RM, R, e H) para ganho de peso do desmame aos 390 dias, em função dos grupos genéticos, e ainda as correlações entre LSM e as predições e, as diferenças médias das predições em relação à LSM.

Grupo Genético	NABC	LSM (EP)	RM	R	H
Puras	16 0 0 0	70,9	70,9	70,9	70,9
	0 0 16 0	74,5	69,3	76,2	70,8
F ₁	8 8 0 0	67,0	68,7	73,9	64,0
	8 0 8 0	79,1	82,4	88,8	79,4
	8 0 0 8	75,7	77,9	84,2	74,7
³ / ₄	X X 12 X	74,2	72,6	78,7	71,0
	12 X X X	68,8	71,6	77,4	71,8
Montana Tropical [®]	4 4 4 4	71,5	71,3	77,9	68,5
	4 4 8 0	70,3	71,2	77,7	69,3
	4 8 0 4	69,4	67,6	74,2	64,6
	4 8 4 0	70,5	68,1	74,4	64,6
	X X X X	72,7	72,3	78,3	67,6
Outros	X X X X	74,1	76,2	82,7	73,1
Correlação			0,821	0,811	0,821
Diferença Média (kg)			0,1	5,9	-2,1

Tabela 21. Estimativas das médias ajustadas pelo método dos quadrados mínimos (LSM) e respectivos erros padrão (EP), e predições pelos diferentes modelos (RM, R, e H) para perímetro escrotal aos 390 dias, em função dos grupos genéticos, e ainda as correlações entre LSM e as predições e, as diferenças médias das predições em relação à LSM.

Grupo Genético	NABC	LSM (EP)	RM	R	H
Puras	16 0 0 0	27,1	27,1	27,1	27,1
	0 0 16 0	29,6	32,6	31,7	27,1
F ₁	8 8 0 0	27,0	28,8	27,9	25,1
	8 0 8 0	28,4	30,1	29,3	26,4
	8 0 0 8	27,9	29,5	28,7	25,5
³ / ₄	X X 12 X	29,6	32,2	31,5	27,6
	12 X X X	28,0	28,9	28,1	26,4
Montana Tropical [®]	4 4 4 4	29,8	31,1	30,2	27,2
	4 4 8 0	29,5	30,9	30,1	26,7
	4 8 0 4	28,9	30,3	29,5	26,5
	4 8 4 0	28,9	30,4	29,5	26,5
	X X X X	29,1	30,6	29,7	26,8
Outros	X X X X	28,7	30,6	29,8	26,8
Correlação			0,904	0,910	0,665
Diferença Média (cm)			1,6	0,8	-2,0

Os modelos RM e R superestimaram as CE390 em 1,6 cm e 0,8 cm e, o modelo H subestimou em 2,0 cm. As correlações foram altas para os modelos RM e R, de 0,904 e 0,910, entre os valores preditos e a LSM.

Tabela 22. Estimativas das médias ajustadas pelo método dos quadrados mínimos (LSM) e respectivos erros padrão (EP), e predições pelos diferentes modelos (RM, R, e H) para escore de musculosidade aos 390 dias, em função dos grupos genéticos, e ainda as correlações entre LSM e as predições e, as diferenças médias das predições em relação à LSM.

Grupo Genético	NABC	LSM (EP)	RM	R	H
Puras	16 0 0 0	4,02	4,02	4,02	4,02
	0 0 16 0	4,03	4,08	4,15	4,02
F ₁	8 8 0 0	3,81	4,12	4,22	4,10
	8 0 8 0	4,19	4,31	4,38	4,25
	8 0 0 8	4,20	4,31	4,37	4,24
³ / ₄	X X 12 X	4,10	4,16	4,29	4,16
	12 X X X	4,21	4,16	4,19	4,12
Montana Tropical [®]	4 4 4 4	4,30	4,33	4,39	4,27
	4 4 8 0	4,18	4,19	4,27	4,14
	4 8 0 4	4,24	4,30	4,37	4,25
	4 8 4 0	4,19	4,20	4,28	4,16
	X X X X	4,17	4,20	4,30	4,17
Outros	X X X X	4,17	4,29	4,34	4,23
Correlação			0,704	0,611	0,696
Diferença Média (pontos)			0,1	0,1	0,0

Apesar dos modelos causarem pequena ou nenhuma mudança na média das estimativas para MUSC390, estes apresentaram correlações medianas à baixas entre os valores preditos e a LSM, de 0,704, 0,611 e 0,696, respectivamente, para os modelos RM, R e H.

Analisando-se estimativas de correlações entre os valores das médias ajustadas pelo método dos quadrados mínimos com os valores preditos pelos RM, R e H, observa-se que o modelo RM, em geral, apresenta melhor ou adequação similar do que os modelos R e H.

Salienta-se a escassez de trabalhos compatíveis para se realizar comparações efetivas com os resultados obtidos no presente estudo no tocante ao poder de predição dos modelos para os diferentes genótipos.

4.7. Estimativas de Componentes de (Co)Variância e Parâmetros Genéticos

Os componentes de variâncias genéticas direta e materna, a covariância entre eles, as variâncias dos efeitos permanentes de ambiente, residual, e a fenotípica total estimadas, assim como os coeficientes de herdabilidade direta, materna e total, e o coeficiente do efeito permanente de meio, são apresentados, para cada característica em estudo, nas Tabelas 23, 24, 25, 26, 27 e 28.

Para PESNAS, os componentes de variâncias genéticas, aditiva e materna, foram menores quando estimados pelo modelo H. A covariância entre o efeito direto e materno foi negativa em todos os modelos, porém a estimativa de menor magnitude foi obtida pelo modelo H. Pequenas diferenças são observadas entre as estimativas provenientes dos modelos RM e R, assim como para os coeficientes de herdabilidades e o efeito permanente de meio.

Tabela 23. Estimativas dos componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos obtidos a partir dos modelos RM, R e H para a característica peso ao nascimento^{1/}.

Modelo	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_{am}$	$\hat{\sigma}_m^2$	$\hat{\sigma}_{ep}^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	\hat{h}_d^2	\hat{h}_m^2	\hat{h}_t^2	\hat{c}^2	\hat{e}^2
RM	4,41	-0,75	0,71	0,45	8,65	13,47	0,33	0,05	0,27	0,03	0,64
R	4,47	-0,67	0,51	0,56	8,63	13,51	0,33	0,04	0,28	0,04	0,64
H	3,97	-0,52	0,48	0,54	8,87	13,35	0,30	0,04	0,26	0,04	0,66

^{1/}A definição dos componentes está na Tabela 11;

As \hat{h}_d^2 e \hat{h}_t^2 estimadas para o PESNAS foram de magnitudes medianas, variando de 0,27 a 0,33. As \hat{h}_m^2 e \hat{c}^2 apresentaram pequena magnitude, variando de 0,03 a 0,05.

As estimativas de componentes de (co) variância obtidos por Rodríguez-Almeida, Van Vleck e Gregory (1997), para três populações compostas com contribuição de nove raças, para as características de PESNAS e PES200, foram de mesma magnitude aos obtidos no presente trabalho para os modelos RM e R.

Entretanto, Ahunu, Arthur e Kissiedu (1997) trabalhando com raças adaptadas e compostas encontraram para PESNAS herdabilidade de 0,45, relativamente superiores às obtidas neste estudo. Porém é importante relatar que o efeito aditivo materno não foi considerado nas análises do referido trabalho.

Tabela 24. Estimativas dos componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos obtidos a partir dos modelos RM, R e H, para peso aos 205 dias¹.

Modelo	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_{am}$	$\hat{\sigma}_m^2$	$\hat{\sigma}_{ep}^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	\hat{h}_d^2	\hat{h}_m^2	\hat{h}_t^2	\hat{c}^2	\hat{e}^2
RM	136,97	-48,04	103,04	38,46	290,41	520,83	0,26	0,20	0,22	0,07	0,56
R	191,32	-36,07	59,09	52,23	266,55	533,13	0,36	0,11	0,31	0,10	0,50
H	134,63	-25,48	68,10	48,00	294,10	519,36	0,26	0,13	0,25	0,09	0,57

¹A definição dos componentes está na Tabela 11;

As \hat{h}_d^2 e \hat{h}_t^2 estimadas para o PES205 foram de magnitudes medianas, variando de 0,22 a 0,36. As \hat{h}_m^2 variaram de 0,11 a 0,20 em função dos modelos. A proporção \hat{c}^2 variou de 0,07 a 0,10.

Para PES205, diferenças importantes são observadas entre os modelos RM e H e o modelo R, quanto à magnitude da variância genética aditiva e da herdabilidade direta e total, sendo maiores para o modelo R. Ocorrem também menores estimativas de variância genética materna nos modelos R e H, possivelmente indicando que o fator de correção para as heterozigoses possa ter removido indevidamente parte da variância aditiva direta e materna. As herdabilidades maternas estimadas por estes modelos, foram relativamente menores que a do modelo RM. Quanto ao efeito permanente de ambiente os modelos proporcionaram estimativas similares.

Gregory, Cundiff e Koch (1995a) encontraram herdabilidades de 0,36 e 0,48 para PESNAS; de 0,21 e 0,38 para PES200; de 0,31 e 0,43 para PES368 e, de 0,24 e 0,40 para PES410, para animais compostos e puros respectivamente, sendo as estimativas sempre inferiores para os animais cruzados.

Ahunu, Arthur e Kissiedu (1997) trabalhando com raças adaptadas e compostas encontraram para PES205 estimativas de 0,38, 0,32 e 0,39 para as herdabilidades direta, materna e total, respectivamente. Destaca-se que a herdabilidade materna relatada (0,32) foi muito superior à encontrada nesta pesquisa.

As herdabilidades direta e materna estimadas por Montaldo e Kinghorn (2003), que trabalharam com dados da raça Santa Gertrudis e seus mestiços com raças européias, foram de 0,38 e 0,02 para PES200, respectivamente, e de 0,22 (herdabilidade direta) para PES400, sendo similares aos encontrados neste estudo para as herdabilidades diretas. Apresentando evidência da ausência ou da pequena importância de efeito genético materno no desmame.

Os resultados de Ahunu, Arthur e Kissiedu (1997) e deste estudo evidenciam grande efeito materno.

Tabela 25. Estimativas dos componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos obtidos a partir dos modelos RM, R e H, para peso aos 390 dias^{1/}.

Modelo	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_{am}$	$\hat{\sigma}_m^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	\hat{h}_d^2	\hat{h}_m^2	\hat{h}_t^2	\hat{e}^2
RM	183,44	-27,27	68,63	470,56	695,36	0,26	0,10	0,25	0,68
R	190,45	-3,75	25,63	475,28	695,11	0,27	0,04	0,28	0,68
H	176,67	-1,15	34,85	480,84	691,20	0,26	0,05	0,28	0,70

^{1/}A definição dos componentes está na Tabela 11;

As \hat{h}_d^2 e \hat{h}_t^2 estimadas para o PES390 foram de magnitudes medianas, variando de 0,25 a 0,28. As \hat{h}_m^2 variaram de 0,04 a 0,10 em função dos modelos.

Observam-se diferenças importantes entre os modelos estudados em relação às magnitudes das variâncias para PES390, assim como, alterações nas herdabilidades direta e materna, porém muito pequenas em relação à herdabilidade total. Seguindo o mesmo comportamento observado para PES205, menores variâncias genéticas maternas foram obtidas pelos modelos R e H.

As herdabilidades direta e total encontradas neste estudo para as características de peso foram superiores àquelas encontradas por Demeke, Neses e Schoeman (2003) para uma população multirracial na Etiópia, onde obtiveram herdabilidades direta e total respectivamente, de 0,15 e 0,24 para peso ao nascer, de 0,07 e 0,09 para peso a desmama e de 0,12 para peso ao 12 meses.

Tabela 26. Estimativas dos componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos obtidos a partir dos modelos RM, R e H, para ganho de peso da desmama aos 390 dias^{1/}.

Modelo	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_{am}$	$\hat{\sigma}_m^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	\hat{h}_d^2	\hat{h}_m^2	\hat{h}_t^2	\hat{e}^2
RM	70,85	-19,48	18,59	341,23	411,19	0,17	0,05	0,12	0,83
R	118,56	-37,59	24,76	318,42	424,15	0,28	0,06	0,18	0,75
H	65,81	-19,00	18,37	344,89	410,07	0,16	0,04	0,11	0,84

^{1/}A definição dos componentes está na Tabela 11;

As \hat{h}_d^2 e \hat{h}_i^2 estimadas para o GP185 foram de magnitudes pequenas à medianas, variando de 0,11 a 0,28. As \hat{h}_m^2 variaram de 0,04 a 0,06 em função dos modelos.

Para GP185, observa-se diferenças importantes entre os modelos RM e H em relação ao modelo R, quanto à magnitude da variância genética aditiva e da herdabilidade direta, sendo maiores para o modelo R.

Gregory, Cundiff e Koch (1995 a,b) encontraram estimativas de herdabilidades, para ganho de peso pós desmame, que variaram de 0,36 e 0,39 para animais compostos e puros, respectivamente, estando muito superiores às encontradas neste trabalho.

As magnitudes baixas destas estimativas para GP185 são divergentes das encontradas na literatura, para raças puras e compostas, pois para a característica ganho de peso na pré-desmama, Meyer, Carrick e Donnelly (1994) encontraram estimativas de 0,26 e 0,40, e Gregory, Cundiff e Koch (1995), de 0,35 e 0,24, respectivamente, para animais puros e cruzados avaliados. Tal fato pode estar ocorrendo devido à dificuldade dos modelos em discernir entre os efeitos aditivos e não aditivos.

Tabela 27. Estimativas dos componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos obtidos a partir dos modelos RM, R e H, para perímetro escrotal aos 390 dias^{1/}.

Modelo	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_{am}$	$\hat{\sigma}_m^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	\hat{h}_d^2	\hat{h}_m^2	\hat{h}_i^2	\hat{e}^2
RM	2,03	-0,18	0,50	6,99	9,34	0,22	0,05	0,22	0,75
R	1,91	-0,12	0,46	7,05	9,30	0,21	0,05	0,21	0,76
H	1,84	-0,25	0,57	7,10	9,26	0,20	0,06	0,19	0,77

^{1/}A definição dos componentes está na Tabela 11;

As \hat{h}_d^2 e \hat{h}_i^2 estimadas para o CE390 foram de magnitudes medianas tendendo à pequena, variando de 0,19 a 0,22. As \hat{h}_m^2 variaram de 0,05 a 0,06 em função dos modelos.

Para CE390, o modelo RM leva a estimativas de variância aditiva e herdabilidade direta maiores, com leve redução na variância residual. Entretanto, os modelos apresentam-se em equivalência com relação às outras herdabilidades.

Tabela 28. Estimativas dos componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos obtidos a partir dos modelos RM, R e H, para escore de musculosidade aos 390 dias^{1/}.

Modelo	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_{am}$	$\hat{\sigma}_m^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	\hat{h}_d^2	\hat{h}_m^2	\hat{h}_i^2	\hat{e}^2
RM	0,116	-0,013	0,009	0,542	0,654	0,18	0,01	0,15	0,83
R	0,144	-0,029	0,017	0,529	0,661	0,22	0,03	0,16	0,80
H	0,113	-0,014	0,010	0,544	0,653	0,17	0,02	0,15	0,83

^{1/}A definição dos componentes está na Tabela 11;

As \hat{h}_d^2 e \hat{h}_i^2 estimadas para o MUSC390 foram de magnitudes pequenas, variando de 0,15 a 0,22. As \hat{h}_m^2 variaram de 0,01 a 0,03 em função dos modelos.

Os modelos estimam para MUS390, variâncias e parâmetros genéticos similares, possivelmente pela pequena magnitude dos efeitos aditivos e não aditivos entre os tipos biológicos, apesar da importância relativa de algumas heterozigoses.

Para todas as características de crescimento avaliadas, as estimativas do componente de covariância genética aditiva e materna foram negativas. Meyer, Carrick e Donnelly (1994) obtiveram resultados semelhantes aos obtidos nesse trabalho, ao estimar componentes de covariância para o peso a desmama e ganho de peso pré-desmama, de bovinos da raça Hereford e composto Wokalup (Charolês, Brahman, Angus, Hereford e Holandês) em rebanhos australianos. Montaldo e Kinghorn (2003) também encontraram este comportamento para PES200.

As herdabilidades maternas encontradas neste estudo foram baixas para todas as características, mas dentro da variação de valores encontrados na literatura. Demeke, Neses e Schoeman (2003) obtiveram estimativas que não ultrapassaram 0,06, enquanto Meyer, Carrick e Donnelly (1994) estimaram coeficientes entre 0,09 e 0,20. Em concordância com a maioria dos estudos, o efeito direto teve maior herdabilidade que o efeito materno.

As magnitudes das estimativas de herdabilidades, diretas e maternas, obtidas neste estudo, permitirão que as características de peso e crescimento possam ser melhoradas, tanto pela seleção de efeitos genéticos diretos para peso e crescimento quanto para a melhoria da performance materna. Mas em linhagens diferentes, pois as correlações entre estes efeitos foram desfavoráveis.

A proporção da variância total referente à variância de efeito permanente de meio (c^2) deste estudo foram superiores às obtidas por Demeke, Neses e Schoeman (2003) que

citam o valor de 0,02 para as características de peso e, Meyer, Carrick e Donnelly (1994) relatam o valor de 0,05 para peso a desmama.

4.8. Diferenças Esperadas na Progênie (DEP) dos modelos RM, R e H

Os resultados obtidos das correlações entre as DEPs dos modelos RM, R e H podem ser observadas para os subgrupos de touros e também para os garrotes da safra 2003 (Tabelas 29 e 30).

Tabela 29. Estimativas médias, desvios padrão (DP), máximos, mínimos, correlações simples e de ordem (ranking) das DEPs dos touros, classificados de acordo com o número de filhos mensurados, obtidas a partir dos diferentes modelos RM, R e H, para peso aos 205 dias.

	TA			TM			TB		
	Touros \geq 300 filhos			Touros com $40 \leq$ filhos < 300			Touros < 40 filhos		
	(N=46)			(N=143)			(N=424)		
	RM	R	H	RM	R	H	RM	R	H
Média (kg)	3,59	-1,72	0,34	1,43	-1,51	-0,66	1,02	-0,52	0,36
DP (kg)	3,76	7,88	3,80	4,72	8,57	4,90	4,38	6,27	4,68
Mínimo (kg)	-5,31	-14,90	-7,92	-11,30	-20,03	-12,25	-14,55	-20,02	-16,38
Máximo (kg)	10,30	14,86	6,78	11,77	16,38	11,05	14,56	21,64	17,80
Correlação de Pearson das DEPs									
RM	1,00	0,63	0,98	1,00	0,68	0,89	1,00	0,71	0,86
R		1,00	0,73		1,00	0,81		1,00	0,87
H			1,00			1,00			1,00
Correlação de Spearman (Rank)									
RM	1,00	0,68	0,98	1,00	0,68	0,91	1,00	0,67	0,83
R		1,00	0,78		1,00	0,80		1,00	0,86
H			1,00			1,00			1,00

Todas as correlações foram diferentes de zero ($P < 0,0001$).

As DEPs estimadas nos diferentes modelos foram semelhantes entre os modelos RM e H quanto à variabilidade e amplitude. Porém, o modelo RM estima DEPs com maiores magnitudes médias em relação ao modelo H e, este por sua vez estima maiores magnitudes que o modelo R, ocorrência inesperada quando analisamos a herdabilidade estimada por este

último modelo, que apresenta maior magnitude, por sua vez o modelo R apresenta maiores desvios padrão das DEPs. O mesmo comportamento pode ser observado quando se observa o conjunto total de garrotes (Tabela 30).

Houve pequenas diferenças entre as correlações estimadas para os três conjuntos de touros. As correlações entre os modelos RM e H, diminuem à medida que reduz o número de filhos avaliados de cada touro, observado nos conjuntos TA, TM e TB.

Tabela 30. Estimativas médias, desvios padrão (DP), máximos, mínimos, correlações simples e de ordem (ranking) das DEPs dos garrotes da safra 2003, obtidas a partir dos diferentes modelos RM, R e H, para peso aos 205 dias.

	Garrotes 100% (N=2.501)			Garrotes 20% Melhores pelo Modelo H (N=500)		
	RM	R	H	RM	R	H
Média (kg)	3,12	-0,47	1,38	6,73	4,37	5,11
DP (kg)	2,87	3,78	2,82	1,37	2,01	1,12
Mínimo (kg)	-8,16	-12,94	-9,33	1,80	-0,43	3,77
Máximo (kg)	12,25	11,15	10,15	12,25	11,15	10,15
Correlação de Pearson das DEPs						
RM	1,00	0,84	0,97	1,00	0,39	0,75
R		1,00	0,91		1,00	0,70
H			1,00			1,00
Correlação de Spearman (Rank)						
RM	1,00	0,83	0,96	1,00	0,17	0,56
R		1,00	0,91		1,00	0,62
H			1,00			1,00

Analisando-se os 20% melhores garrotes pelo modelo H, as diferenças entre as DEPs estimadas são menores, apesar de seguir a tendência geral. Porém, as correlações, sobretudo às de ordem, revelam grandes diferenças entre os modelos, com valores baixos de correlações que variaram de 0,17 a 0,62.

Quando se analisou a classificação dos 20% animais superiores para DEP de PES205, a proporção de animais coincidentes (PC) entre os modelos RM e H com modelo R

foi da 65% e 76% respectivamente. Esta proporção foi de 82% entre os modelos RM e H. Sendo estas indicadoras de classificações genéticas relativamente distintas realizadas pelos diferentes modelos. Em termos aplicados o erro de seleção, dado como proporção de animais não seleccionados, variou entre 18% e 35% para os modelos estudados.

O impacto desta mudança pode ser observado graficamente nas Figuras 21, 22 e 23.

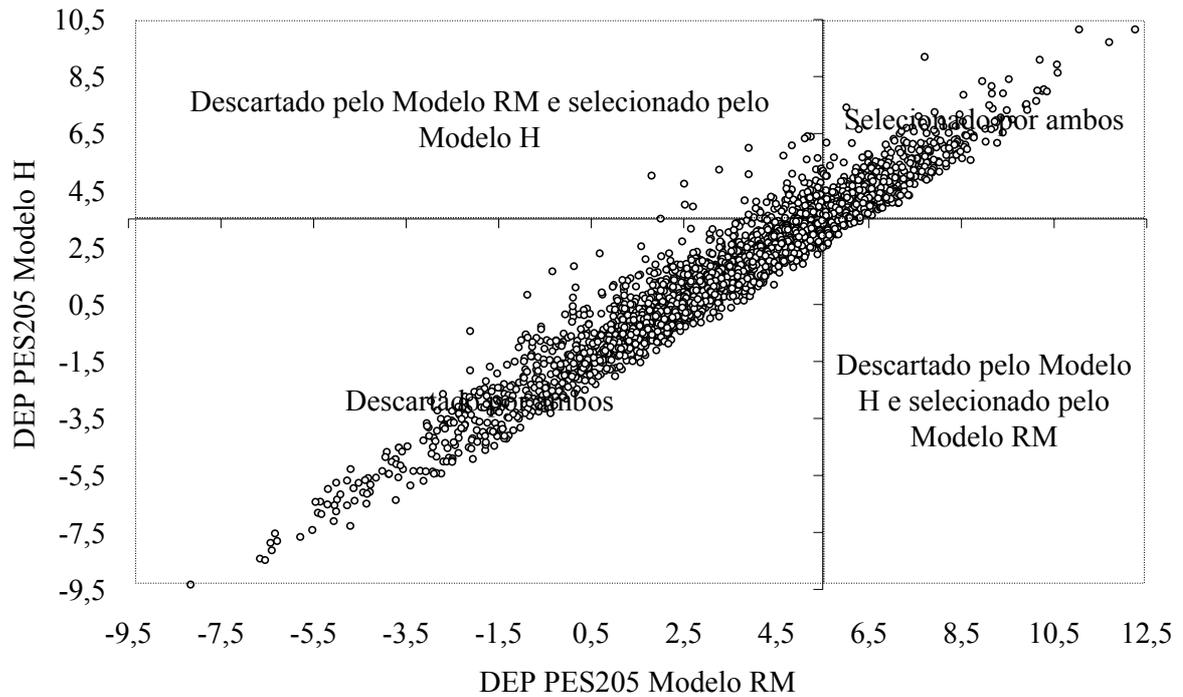


Figura 21. Dispersões das DEPs para PES205 nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 20% melhores para os modelos H ($DEP \geq 3,5$ kg) e RM ($DEP \geq 5,5$ kg).

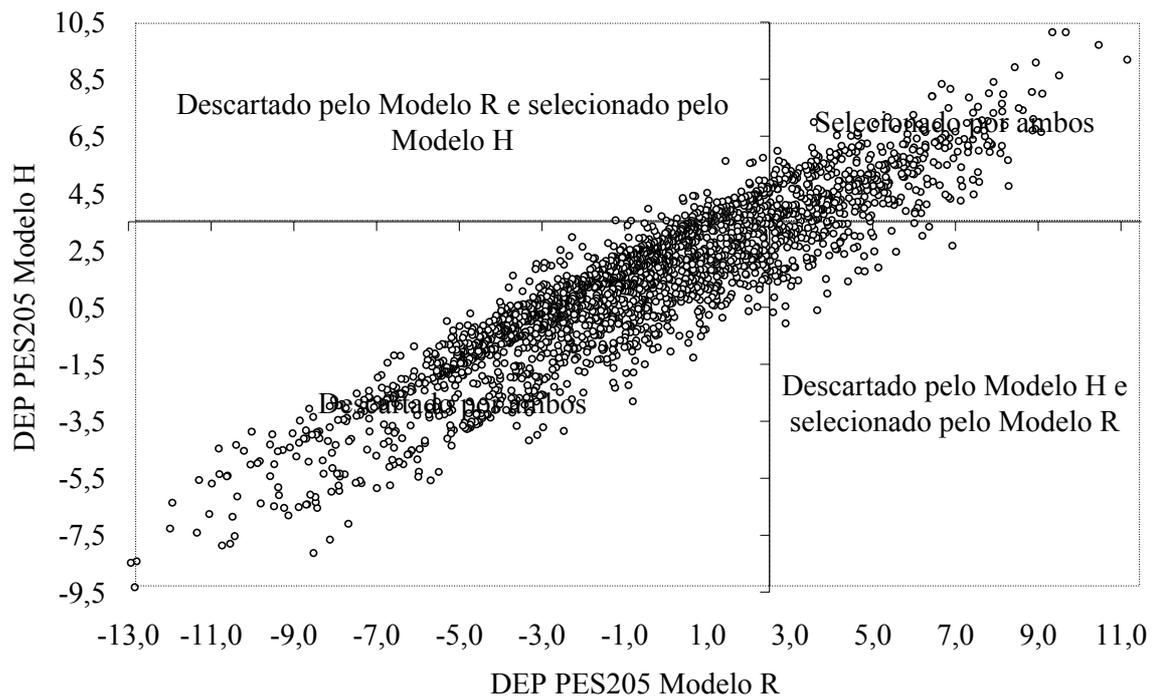


Figura 22. Dispersões das DEPs para PES205 nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 20% melhores para os modelos H ($DEP \geq 3,5$ kg) e R ($DEP \geq 2,5$ kg).

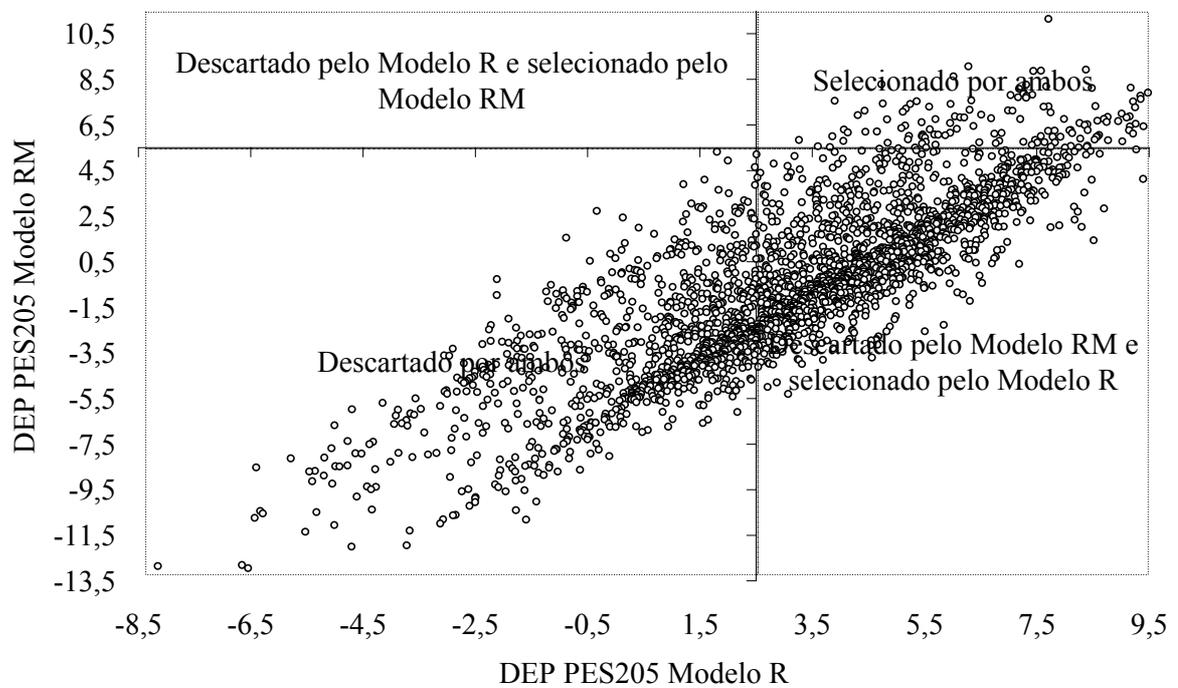


Figura 23. Dispersões das DEPs para PES205 nos quadrantes definidos pelos pontos de truncamentos dos 20% melhores para os modelos R ($DEP \geq 2,5$ kg) e RM ($DEP \geq 5,5$ kg).

5. CONCLUSÕES

Os efeitos de grupo de contemporâneo e idade da mãe ao parto podem ser incorporados no processo de modelagem, na identificação dos efeitos ambientais, na estimação e predição dos componentes de (co)variâncias e valores genéticos devido à sua importância sobre as características contempladas neste estudo.

Modelos de estimação que sejam capazes de segregar e quantificar, sem vícios, os efeitos aditivos diretos e maternos dos efeitos das heterozigoses, como o modelo RM devem ser eleitos, preterindo-se os modelos que incluam a estimação singular dos efeitos de heterose.

Em termos gerais, o modelo RM foi razoavelmente capaz de predizer com mediana à alta capacidade os desempenhos das combinações genéticas dentro desta população composta.

Os componentes de variância e herdabilidade estimados neste trabalho podem servir como apoio para a realização de análises e estimação de valores genéticos, assim como servir de referência para trabalhos futuros.

A análise de ranking fornece indícios que reforçam a diferença entre os modelos. Se processos seletivos fossem aplicados a partir das estimativas das DEPs produzidas pelos modelos, os animais selecionados (20% melhores), não seriam exatamente os mesmos.

Pode-se afirmar também que: o tipo biológico N contribuiu para a geração de vacas que promovem maiores pesos ao desmame e aos 390 dias, sobretudo, em relação aos tipos biológicos adaptado e Britânico; em geral a relação linear entre as heterozigoses e as heteroses foram importantes e deve ser considerada nas avaliações genéticas; os resultados suportam as evidências quanto à contribuição genética da heterose nos sistemas de produção e melhoramento animal; são necessárias avaliações suplementares com modelos mais completos ou utilizando outras estratégias de ajustes.

Finalmente, os métodos e as metodologias de avaliações genéticas suportadas por modelos sofisticados e de domínio amplo, explicam os efeitos atribuídos à heterose sob um enfoque estatístico ou matemático, apresentando neste sentido, grande contribuição ao estabelecer e direcionar sistemas de cruzamentos entre raças. Com efeito, estes estudos continuarão a ser de grande valia.

6. REFERÊNCIAS

- ABDEL-AZIZ, M.; SCHOEMAN, S.J.; JORDAAN, G.F. Estimation of additive, maternal and non-additive genetic effects of preweaning growth traits in a multibreed beef cattle project, *Animal Science Journal*, Taikoku, v. 74, n. 3, p. 169-179, 2003.
- AHUNU, B.K.; ARTHUR, P.F.; KISSIEDU, H.W.A. Genetic and phenotypic parameters for birth and weaning weights of purebred and crossbred N'dama and West African Shorthorn cattle, *Livestock Production Science*, Amsterdam, n. 1-3, 7, p. 165-171 1997.
- ALENCAR, M.M. et al. Efeitos da produção de leite das vacas sobre o desenvolvimento pós-desmama de bezerros da raça Canchim. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 27 n. 1, p. 105-110, 1992.
- ALENCAR, M.M. Efeitos da produção de leite sobre o desenvolvimento de bezerros Canchim. *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, MG, v.16, n.1, p.1-13, 1987.
- ALENCAR, M.M. et al. Características da amamentação de bezerros da raça Canchim e cruzados Canchim x Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, MG, v. 24, n. 5, p. 706-714, 1995.
- ALENCAR, M.M.; MARTIN T.G. Estimation of genetic and maternal effects in crossbred cattle of Angus, Charolais and Hereford parentage. III. Optimal breed composition of crossbreds. *Journal of Animal Science*, Albany, v. 53, p. 347-353, 1981.
- ARANGO, J.A.; CUNDIFF, L.V.; VAN VLECK, L.D. Breed comparisons of Angus, Brahman, Hereford, Pinzgauer, Sahiwal and Tarentaise for weight, weight adjusted for condition score, height and body condition score. *Journal of Animal Science*, Albany, v. 80, p.3142-3149, 2002.
- ARNOLD, J.W.; BERTRAND, J.K.; BENYSHEK, L.L. Animal model for genetic evaluation of multibreed data. *Journal of Animal Science*, Albany, v.70, p.3322-3332, 1992.
- ARTHUR, P.F. et al. Evaluation of *Bos indicus* and *Bos taurus* straightbreds and crosses. III Direct and maternal genetic effects on growth traits, *Australian Journal Agricultural Research*, East Melbourne, v. 45, p. 807-818, 1994.
- ARTHUR, P.F.; HEARNSHAW, H.; STEPHENSON, P.D. Direct and maternal additive and heterosis effects from crossing *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle: cow and calf performance in two environments, *Livestock Production Science*, Amsterdam, v. 57, p. 231-241, 1999.

- BARBOSA, P.F.; DUARTE, F.A.M. Crossbreeding and new beef cattle breeds in Brazil. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, SP, v.12, n.3, (Suppl.), p.257-301, 1989.
- BOLDMAN, K. G. et al. *A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances (DRAFT)*. Lincoln: Department of Agriculture / Agriculture Research Service, 1995. 125 p.
- BOURDON, R. Composites 101. *Revista Brasileira de Reprodução Animal*, Belo Horizonte, v. 23, n. 2, p. 122-127, 1999.
- BURROW, H.M. et al. Quantitative and molecular genetic influences on properties of beef: a review, *Australian Journal of Experimental Agriculture*, East Melbourne, v. 41, p. 893-919, 2001.
- BURROW, H.M.; PRAYAGA, K.C. Correlates responses in productive and adaptative traits and temperament following selection for growth and heat resistance in tropical beef cattle, *Livestock Production Science*, Amsterdam, v. 86, p. 143-161, 2004.
- CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Fatores ambientais sobre escores de avaliação visual à desmama em bezerros Angus criados no Rio Grande do Sul. *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, MG, v.30, n.2, p.381-325, 2001.
- CASSADY, J. P.; YOUNG, L. D.; LEYMASTER, K. A. Heterosis and recombination effects on pig growth and carcass traits, *Journal of Animal Science*, Albany, v. 80, p. 2286-2302, 2002.
- COSTA, G.Z. et al. Efeitos ambientais e genéticos sobre escores visuais e ganho médio diário de peso à desmama de animais formadores da raça Brangus. In: 42ª REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, Goiânia, GO, Julho 2005, *Anais...*, 2005.
- CREWS, D.H.; KEMP, R.A. Maternal (co)variance components for carcass trait breeding values among crossbred beef cattle. In: 6th WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, Armidale, Austrália, January 1998. *Proceedings*, v. 23, p. 177-180, 1998.
- CUNDIFF, L.V. et al. Preliminary results from cycle V of the cattle germplasm evaluation program at the Roman L. Hruska U.S. Meat Animal Research Center. In: *Germplasm Evaluation Program – Progress Report nº 16*. USDA, Agric. Res. Service, July, p.2-11, 1997.

CUNDIFF, L.V.; GREGORY, K.E.; KOCH, R.M. Cicle V of the germplasm evaluation (GPE) program in beef cattle. In: *Beef Research – Progress Report n° 4*. USDA, Agric. Res. Service, p.3-5, 1993.

CUNNINGHAM, E. P. Crossbreeding: the Greek temple model. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, Berlin, v.104, p. 2-11. 1987.

DAL-FARRA, R.A.; ROSO, V.M.; SCHENKEL, F.S. Efeitos de ambiente e de heterose sobre o ganho de peso do nascimento ao desmame e sobre os escores visuais ao desmame de bovinos de corte, *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, MG, v. 31, n. 3(supl.), p. 1350-1361, 2002.

DEEB, N.; LAMONT, S.J. Genetic architecture of growth and body composition in unique chicken populations, *Heredity*, London, v. 93, p. 107-117, 2002

DEMEKE, S.; NESES, F. W. C.; SCHOEMAN, S. J. Variance components and genetic parameters for early growth traits in a mixed population of purebred *Bos indicus* and crossbred cattle. *Livestock Production Science*, Amsterdam, v.84, n. 1, p.11-21, 2003.

DICKERSON, G.E. Experimental approaches in utilizing breed resources. *Animal Breeding Abstracts*, Edinburgh,GB, v. 37, n. 2, p. 191-202, 1969.

DICKERSON, G.E. Inbreeding and heterosis in animals. In: Proceedings of the Animal Breeding and Genetics Symposium in Honour of Dr. J.L. Lush. *American Soc. Animal Science*, Albany, 54-77, 1973.

DILLARD, E.U.; RODRIGUEZ, O; ROBINSON, O.W. Estimation of additive and non-additive direct and maternal genetic effects from crossbreeding beef cattle. *Journal of Animal Science*, Albany, v.50, p. 653-663, 1980.

DOMÍNGUEZ-VIVEROS, J.et al. Genetic evaluation of growth traits in tropicane cattle: II. Genetic trends. *Agrociência*, Chapingo,MX, v.37, n.4, p.337-343, 2003.

EISEN, E.J. Genetic models to predict crossbred performance: a review. *Brazilian Journal of Genetics*, Ribeirão Preto, v. 12, p.13-26, 1989.

ELER, J.P. et al. Influência da interação touro x rebanho na estimação da correlação entre efeitos genéticos direto e materno em bovinos da raça Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, MG, v.29, n. 6, p.1642-1648, 2000.

- ELER, J.P. *Teorias e métodos em melhoramento genético animal*, 2^a ed., Pirassununga, SP: Fzea/USP, 2001, 262 p. (Apostila)
- ELZO, M.; BRADFORD, G.E. Multibreed sire evaluation procedures across countries. *Journal of Animal Science*, Albany, v. 66, p. 4079-4090, 1985.
- ELZO, M.; FAMULA, T.R. Multibreed sire evaluation procedures within a country. *Journal of Animal Science*, Albany, v. 60, p. 942-952, 1985.
- ELZO, M.A.; WAKEMAN, D.L. Covariance components and prediction for additive and nonadditive preweaning growth genetic effects in an Angus-Brahman multibreed herd. *Journal of Animal Science*, Albany, v.76, p.1290-1302, 1998.
- ELZO, M.A.; WAKEMAN, D.L.; DIXON, W.P. Genetic variability and sire evaluation for additive and nonadditive preweaning growth genetic effects in na Angus-B-Multibreed population. In: 6th WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, Armidale, Austrália, January 1998. *Proceedings*, v. 23, p. 93-96, 1998.
- EUCLIDES FILHO, K. Cruzamentos na pecuária de corte nos trópicos. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL, Viçosa, MG, 21 a 24/9/1999, *Anais*, 1999, p.419-426.
- EVERLING, D. M. et al. Heritability Estimates and Genetic Correlation of Growth Characteristics in the Preweaning Period and Scrotal Circumference Measurement at Yearling for Angus-Nelore Beef Cattle. *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, MG, v. 30, n. 6, supl, p. 2002-2008, 2001.
- FERNANDO, R. L. Analysis of data from crossbred populations. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL, Viçosa, MG, 21 a 24/9/1999, *Anais*, 1999, p.401-419.
- FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P.; GOLDEN, B. L. A formação do composto Montana Tropical. *Revista Brasileira de Reprodução Animal*, Belo Horizonte, v. 23, n. 2, p. 115-117, 1999a.
- FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P.; GOLDEN, B. L. Análise genética do composto Montana Tropical. *Revista Brasileira de Reprodução Animal*, Belo Horizonte, v. 23, n. 2, p. 111-113, 1999b.
- FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P. Avaliação genética multirracial de bovinos de corte. In: 42^a REUNIAO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, Goiânia, GO, 2005, *Anais...*, 2005 . 228-234.

FRANKE, D.E. et al. Direct and maternal genetic effect on birth and weaning traits in multibreed cattle data and predicted performance of breed crosses, *Journal of Animal Science*, Albany, v. 79, p. 1713-1722, 2001.

FRIES, L. A. et al. Evidence of epistatic effects on weaning weight in crossbred beef cattle. *Asian-Australasian Journal of Animal Science*, Seoul, v. 13 (Suppl. B), p. 242-, 2000.

FRISCH, J. E.; VERCOE, J.E. An analysis of different cattle genotypes reared in different environments. *Journal Agriculture Science*, Cambridge, v. 103, p. 137-153, 1984.

GAVORA, J.S. et al. Prediction of heterosis from DNA fingerprints in chickens, *Genetics*, Bethesda, v. 144, p. 777-784, 1996

GOLDEN, B.L.; BOURDON, R.M.; SNELLING, W.M. Additive genetic groups for animals evaluated in more than one breed association national cattle evaluation. *Journal of Animal Science*, Albany, v.72, p.2559-2567, 1994.

GREGORY, K. E. et al. Breed effects and heterosis in advanced generations of composite populations for puberty and scrotal traits of beef cattle, *Journal of Animal Science*, Albany, v. 69, p. 2795-2807, 1991

GREGORY, K. E.; CUNDIFF, L. V.; KOCH, R. M. Breed effects and heterosis in advanced generations of composite populations for growth traits in both sexes of beef cattle. *Journal of Animal Science*, Albany, v. 69, p. 3202-3212, 1991.

GREGORY, K.E. et al. Germplasm utilization in beef cattle. In: *Beef Research – Progress Report n° 4*. USDA, Agric. Res. Service, p.7-21, 1993.

GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V. Crossbreeding in beef cattle: evaluation of systems. *Journal of Animal Science*, Albany, v.51, p.1224-1242, 1980.

GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V. Breeding programs to use heterosis and breed complementarity, *Revista Brasileira de Reprodução Animal*, Belo Horizonte, v. 23, n. 2, p. 65-77, 1999.

GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V.; KOCH, R.M. Genetic and phenotypic (Co) variances for growth and carcass traits of purebred and composite populations of beef cattle. *Journal of Animal Science*, Albany, v.73, p.1920-1926, 1995a.

GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V.; KOCH, R.M. Genetic and phenotypic (Co) variances for production traits of female populations of purebred and composite beef cattle. *Journal of Animal Science*, Albany, v.73, p.2235-2242, 1995b.

GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V.; KOCH, R.M. Genetic and phenotypic (Co) variances for production traits of intact male populations of purebred and composite beef cattle. *Journal of Animal Science*, Albany, v.73, p.2227-2234, 1995c.

HAYES, B.J.; NEWMAN, S.; SHEPHERD, R.K. Technical note: Constrained optimization of breed composition in composite populations to balance net merit and risk. *Journal of Animal Science*, Albany, v.78, p.2105-2107, 2000.

JORGE JÚNIOR, J. et al. Influência de Alguns Fatores de Ambiente sobre os Escores de Conformação, Precocidade e Musculatura à Desmama em um Rebanho da Raça Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, MG, v. 30, n. 6, p. 1697-1703, 2001.

JORGE JÚNIOR, J.; DIAS, L.T., ALBUQUERQUE, L.G. Fatores de correção de escores visuais de conformação, precocidade e musculatura, à desmama, para idade da vaca ao parto, data juliana de nascimento e idade à desmama em bovinos da raça Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, MG, v.33, n.6 (supl. 2), p.2044-2053, 2004.

KELLY, M.J. et al. Differences between Brahman, Santa Gertrudis and Belmont Red breeds in subcutaneous fat distribution over the carcass. In: 6th WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, Armidale, Austrália, January 1998. *Proceedings*, v. 23, p. 109-112, 1998.

KINGHORN, B.P. A model for the optimisation of genetic improvement by the introduction of novel breeds into a native population. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, Berlin, v. 97, n. 95-100, 1980.

KINGHORN, B.P. Genetic effects in crossbreeding. II Multibreed selection indices. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, Berlin, v. 99, p. 315-320, 1982.

KOCH, R.M. CUNDIFF, L.V.; GREGORY, K.E. Beef cattle breed resource utilization. *Brazilian Journal of Genetics*, Ribeirão Preto, v. 12, p.55-80, 1989.

KOCH, R.M. et al. Heterosis retained in advance generations of crosses among Angus and Hereford cattle. *Journal of Animal Science*, Albany, v.60, p.1117-1131. 1985.

LIN, C.Y. Technical note: Optimization of breed composition to maximize net merit of synthetic populations. *Journal of Animal Science*, Albany, v. 74, p. 1477-1480, 1996.

MADALENA, F. Dairy cattle breeding program in Brazil. Development of the Brazilian milking hybrid (MLB). In: FAO/ICAR WORKSHOP IN ANIMAL BREEDING STRATEGIES, Bella Itália, Setembro 1999. *Proceedings*, 1999.

MADALENA, F. Hybrid F1 *Bos taurus x Bos indicus* dairy cattle production in the state of Minas Gerais, Brazil. In: 6th WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, Armidale, Austrália, January 1998. *Proceedings*, v. 27, p. 199-202, 1998.

MAGAÑA, J.G.; SEGURA-CORREA, J.C. Estimates of breed and heterosis effects for some reproductive traits of Brown-Swiss and Zebu-related breeds in South-eastern Mexico, MX. *Livestock Research for Rural Development*, Cali, v.13, n.5, 2001.

MEYER, K.; CARRICK, M. J.; DONNELLY, B. J. P. Genetic parameters for milk production of Australian beef cows and weaning weight of their calves. *Journal of Animal Science*, Albany, v.72, n. 5, p.1155-1165, 1994.

MEYER, K.; CARRICK, M. J.; DONNELLY, B. J. P. Genetic parameters for growth traits of Australian beef cattle from a multibreed selection experiment. *Journal of Animal Science*, Albany, v.71, p.2614-2622, 1993.

MILLER, S.P.; GODDARD, M.E. The super-breed approach to modelling additive and non-additive genetic effects between and within breeds in multibreed evaluations. In: 6th WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, Armidale, Austrália, January 1998. *Proceedings*, v. 23, p. 97-100, 1998.

MONTALDO, H.H.; KINGHORN, B.P. Additive and non-additive, direct and maternal genetic effects for growth traits in multibreed population of beef cattle. *Archivos Medicina Veterinária*, Valdivia, v.35, n.2, p.1-7, 2003.

MOREIRA, H.L.M.; CARDELLINO. R.A. Herdabilidade e repetibilidade e efeitos ambientais em bovinos Hereford. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 29, n. 11, p.1795-1800, 1994.

MOURÃO, G.B. et al. Estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos para características de crescimento em uma população multirracial de bovinos de corte In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 42, 2005, Goiânia, GO, *Anais...*, 2005.

- MOURÃO, G.B. et al. Uso de polinômio segmentado para ajuste do peso à desmama da raça nelore e seu efeito sobre as estimativas de parâmetros genéticos In: 41ª REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 2004, Campo Grande, MS, *Anais...*, MELH073, p. 1-4, 2005.
- NOTTER, D.R.; CUNDIFF, L.V. Across-breed expected progeny differences: use of within-breed expected progeny differences to adjust breed evaluations for sire sampling and genetic trend. *Journal of Animal Science*, Albany, v.69, p.4763-4776, 1991.
- PAZ, C.C.P. *Efeitos ambientais e genéticos que afetam o ganho de peso de pré-desmama em bovinos da raça Nelore*. 1997, 108f. Dissertação (Mestrado) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 1997.
- PAZ, C.C.P.; ALBUQUERQUE, L.G.; FRIES, L.A. Efeitos ambientais sobre ganho de peso no período do nascimento ao desmame em bovinos da raça Nelore, *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, MG, v. 28, n. 1, p. 55-64, 1999.
- PELICIOLI, L.C. et al. Efeito da idade da vaca ao parto e da data Juliana de nascimento sobre características pré-desmama de bezerros da raça Gir, *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, MG, v. 31, n. 1, p. 61-70, 2002.
- PEROTTO, D et al. Crossbreeding systems for beef production in the north-west region of Paraná – Brazil. In: 6th WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, Armidale, Austrália, January 1998. *Proceedings*, v. 23, p. 251-254, 1998.
- PEROTTO, D.; ABRAHÃO, J.J.S.; CUBAS, A.C. Efeitos da raça e da heterozigose sobre características ponderais de bezerros Nelore e mestiços Red Angus x Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, MG, v. 28, n. 3, p. 504-511, 1999.
- PEROTTO, D.; MOLETTA, J. L.; CUBAS, A. C. Carcass traits of Charolais, Caracu and reciprocal crosses finished in feedlot. *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, MG, v. 29, n.1, p. 117-124, 2000.
- POLLAK, J.; QUÃAS, R.L. Multibreed evaluation of beef cattle. In: 6th WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, Armidale, Austrália, January 1998. *Proceedings*, v. 23, p. 81-88, 1998
- PRAYAGA, K.C. Evaluation of beef cattle genotypes and estimation of direct and maternal genetic effects in a tropical environment 1. Growth traits, *Australian Journal Agricultural Research*, East Melbourne, v. 54, p. 1013-1025, 2003.

- PRAYAGA, K.C. Evaluation of beef cattle genotypes and estimation of direct and maternal genetic effects in a tropical environment. 3. Fertility and calf survival traits, *Australian Journal Agricultural Research*, East Melbourne, v. 55, p. 811-824, 2004.
- RAMALHO, M. et al. *Genética na agropecuária*. 6^a ed., São Paulo, Globo, 2000, 359 p.
- ROBINSON, J.A.B. ; ARMSTRONG, S.I.; KUEHNI, P.P. Across breed evaluation of beef cattle carcass traits from commercial carcass data and real-time ultrasound. In: 6th WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, Armidale, Austrália, January 1998. *Proceedings*, v. 23, p. 89-91, 1998.
- ROBINSON, O.W.; McDANIEL, B.T.; RINCON, E.J. Estimation of direct and maternal additive and heterotic effects from crossbreeding experiments in animals. *Journal of Animal Science*, Albany, v. 52, p.44-50, 1981.
- RODRÍGUEZ-ALMEIDA, F. A.; VAN VLECK, L. D.; GREGORY, K. E. Estimation of direct and maternal breed effects for prediction of expected progeny differences for birth and weaning weights in three multibreed populations. *Journal of Animal Science*, Albany, v.75, n. 5, p.1203-1212, 1997.
- ROSO, V. M. et al. Additive, dominance, and epistatic loss effects on preweaning weight gain of crossbred beef cattle from different *Bos taurus* breeds, *Journal of Animal Science*, Albany, v. 83, p. 1780–1787, 2005.
- ROSO, V.M.; FRIES, L.A. Maternal and individual heterozygosities and heterosis on preweaning gain of Angus x Nelore calves. In: 6th WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, Armidale, Austrália, January 1998. *Proceedings*, v. 23, p. 105-108, 1998.
- ROUGHSEGE, T. et al. Synthesis of direct and maternal genetic components of economically important traits from beef breed-cross evaluations. *Journal of Animal Science*, Albany, v. 79, p. 2307-2319, 2001.
- RUTLEDGE, J.J. Greek temples, tropical kine and recombination load, *Livestock Production Science*, Amsterdam, v. 68, p. 171-179, 2001.
- SCHOEMAN S.J.; VAN ZYL J.G.E., D.E.; WET, R. Direct and maternal additive and heterotic effects in crossbreeding Hereford, Simmental and Afrikaner cattle. *South African Journal of Animal Science*, Pretoria, v. 23, p. 61-66. 1993.

SHARMA, B.S.; PRABHAKARAN, V.T.; PIRCHNER, F. Gene action and heterosis in lifetime traits of Friesian x Sahiwal crosses, *Journal of Animal Breeding and Genetics*, Berlin, v. 117, p. 319-330, 2000.

SKRYPZECK H. et al. Estimates of crossbreeding parameters in a multibreed beef cattle crossbreeding project. *South African Journal of Animal Science*, v. 30, p. 193-200, 2000

TEIXEIRA, R. e ALBUQUERQUE, L. G. Efeitos ambientais que afetam o ganho de peso pré-desmama em animais Angus, Hereford, Nelore e mestiços Angus-Nelore e Hereford-Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, MG, vol. 32, n. 4, p. 887-890, 2003.

TEIXEIRA, R.A. *Efeitos genéticos aditivos e não aditivos que influenciam características reprodutivas e de crescimento em bovinos de corte*. 2004. 83 f. Tese (Doutorado) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2004.

TEODORO, R.L.; LEMOS, A.M.; MADALENA, F.E. Effects of ticks *Boophilus microplus* infestation milk yield *Bos taurus/Bos indicus* crosses. In: 6th WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, Armidale, Austrália, January 1998. *Proceedings*, v. 27, p. 137-180, 1998.

VAN VLECK, L.D.; CUNDIFF, L.V. Prediction error variances for interbreed genetic evaluations. *Journal of Animal Science*, Albany, v. 72, p. 1971-1977, 1994.

VAN VLECK, L.D.; HAKIM, A.F.; CUNDIFF, L.V. et al. Estimating breeding values for meat characteristics of crossbred cattle with an animal model. *Journal of Animal Science*, Albany, v. 70, p.363-371, 1992.