

RACHEL SANTOS BUENO

AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BOVINOS DE CORTE COMPOSTOS

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL

2007

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

T

B928a
2007

Bueno, Rachel Santos, 1977-

Avaliação genética de bovinos de corte compostos /
Rachel Santos Bueno. – Viçosa, MG, 2007.
xi, 74f. : il. (algumas col.) ; 29cm.

Orientador: Robledo de Almeida Torres.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Bovino - Melhoramento genético - Métodos
estatísticos. 2. Bovino - Seleção. 3. Heterose.
I. Universidade Federal de Viçosa. II. Título.

CDD 22.ed. 636.2082

RACHEL SANTOS BUENO

AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BOVINOS DE CORTE COMPOSTOS

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

APROVADA: 13 de agosto de 2007.

Prof. José Bento Sterman Ferraz
(Co-orientador)

Prof. Paulo Sávio Lopes
(Co-orientador)

Prof. Martinho de Almeida e Silva

Prof. Ricardo Frederico Euclides

Prof. Robledo de Almeida Torres
(Orientador)

DEDICO
À minha filha Luísa.

AGRADECIMENTO

A Deus.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Genética e Melhoramento, pela oportunidade de realização do curso.

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

A CFM-Leachman Pecuária Ltda e ao Grupo de Melhoramento Animal – GMA/FZEA da Universidade de São Paulo, pela disponibilidade e pela concessão dos dados.

Ao Professor Robledo de Almeida Torres, pela orientação, pela paciência, pelos ensinamentos, pela confiança, apoio e amizade.

Ao Professor José Bento Sterman Ferraz, por mais esta oportunidade, por todo incentivo e amizade.

Ao Professor Paulo Sávio Lopes, pelos ensinamentos e participação em mais esta etapa de minha formação.

Ao Professor Ricardo Frederico Euclides pela colaboração, sugestões e participação no exame de defesa de tese.

Ao Professor Martinho de Almeida e Silva, pelas valorosas sugestões, pelo carinho e pela oportunidade inicial fundamental para esta conquista.

Ao Professor Joanir Pereira Eler, pela acolhida e ajuda prestada na viabilização deste trabalho.

Ao Professor Júlio César de Carvalho Balieiro, pela parceria, colaboração, exemplo de dedicação, ânimo invejável ao trabalho e amizade tão rica.

Aos amigos Gerson Barreto Mourão e Elisângela Chicaroni de Mattos, grandes parceiros de trabalho, pelo exemplo de profissionais, pelo apoio à realização deste trabalho, e pelas famílias que ganhei em Pirassununga.

À Luciana e seus pais, Jair e Toninha, pelos grandes amigos que foram e são, minha eterna gratidão.

A amiga de todas as horas, Aline Zampar, pelos momentos de alegria e descontração, por me aceitar como “agregada”, e pelo imenso amor que delega a minha pequena.

Ao amigo Gustavo Henrique de Souza, por me agüentar e me apoiar todo este tempo.

A amiga e irmã Alice Cristina Bitencourt Teixeira, que sempre me incentiva e inspira.

A amiga Andrezza Felício, pelo apoio constante.

Aos amigos de sempre, Thelma, Analice, Mirella Sirol e Rodolpho.

Ao Minos, pelo carinho, companheirismo, e pelo apoio fundamental na fase final deste trabalho.

Aos meus pais e irmãos por me suportarem e me apoiarem em todos os momentos, de forma incondicional.

À minha filha Luísa pelo amor e compreensão.

Aos amigos e colegas de pós-graduação da UFV, pela amizade e excelente convivência.

Aos amigos e colegas da FZEA/USP, essenciais para meu crescimento profissional e felicidade pessoal.

Ao Grupo Socorrista Joana de Angelis pelo apoio espiritual, pela força nas horas difíceis, pelo amor.

Aos professores, pesquisadores, funcionários e estagiários das diversas instituições que, mesmo sem terem sido nomeados, contribuíram para minha formação profissional e para a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

Rachel Santos Bueno, filha de Ildefonso Bueno Filho e Maria Aparecida dos Santos Bueno, natural de Santos, Estado de São Paulo, nasceu em 16 de junho de 1977.

Em março de 1996, iniciou o curso de Zootecnia, na Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, MG, onde foi bolsista de iniciação científica, por alguns anos, no Departamento de Zootecnia, orientada pelo Prof. Martinho de Almeida e Silva e pelo Prof. Paulo Sávio Lopes.

Em março de 2001, graduou-se em Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa.

Em abril de 2001, iniciou o curso de Mestrado em Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa.

Em 28 de fevereiro de 2003, submeteu-se ao exame final de defesa de tese para obtenção do título de Magister Scientae em Zootecnia, linha de pesquisa em Melhoramento Animal, na Universidade Federal de Viçosa.

Em março de 2003, iniciou o Doutorado em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa.

Em 09 de agosto de 2006, assumiu o cargo de professora efetiva da Universidade Tecnológica Federal do Paraná – UTFPR, *Campus* Dois Vizinhos, assumindo as disciplinas de Genética, Estatística e Estatística Experimental.

Em 13 de agosto de 2007, submeteu-se ao exame final de defesa de tese.

ÍNDICE

| | |
|---------------------------------|------|
| RESUMO..... | viii |
| ABSTRACT..... | x |
| INTRODUÇÃO GERAL..... | 01 |
| REVISÃO DE LITERATURA..... | 03 |
| REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS..... | 13 |

CAPÍTULO I

Retenção de heterose ao longo das gerações de uma população formadora de bovinos de corte compostos

| | |
|---------------------------------|----|
| Resumo..... | 15 |
| Abstract..... | 16 |
| Introdução..... | 17 |
| Material e Métodos..... | 19 |
| Resultados e Discussão..... | 23 |
| Conclusões..... | 28 |
| Referências Bibliográficas..... | 29 |

CAPÍTULO II

Composição racial de bovinos compostos para acasalamento com diferentes grupos genéticos de fêmeas

| | |
|---------------------------------|----|
| Resumo..... | 30 |
| Abstract..... | 31 |
| Introdução..... | 32 |
| Material e Métodos..... | 34 |
| Resultados..... | 37 |
| Discussão..... | 43 |
| Conclusões..... | 45 |
| Referências Bibliográficas..... | 46 |

CAPÍTULO III

Efeito da inclusão da epistasia em modelo de avaliação genética de bovinos de corte compostos

| | |
|---------------------------------|----|
| Resumo..... | 47 |
| Abstract..... | 48 |
| Introdução..... | 49 |
| Material e Métodos..... | 50 |
| Resultados e Discussão..... | 52 |
| Conclusões..... | 57 |
| Referências Bibliográficas..... | 59 |

CAPÍTULO IV

Métodos de estimação de efeitos genéticos não aditivos para características de peso e perímetro escrotal de bovinos de corte compostos

| | |
|---------------------------------|----|
| Resumo..... | 60 |
| Abstract..... | 61 |
| Introdução..... | 62 |
| Material e Métodos..... | 64 |
| Resultados e Discussão..... | 67 |
| Conclusões..... | 71 |
| Referências Bibliográficas..... | 72 |
| CONCLUSÕES GERAIS..... | 74 |

RESUMO

BUENO, Rachel Santos, D. Sc., Universidade Federal de Viçosa, agosto de 2007. **Avaliação genética de bovinos de corte compostos**. Orientador: Robledo de Almeida Torres. Co-orientadores: José Bento Sterman Ferraz e Paulo Sávio Lopes.

Grupos genéticos foram utilizados para estimar a heterose, e seu comportamento ao longo das gerações na população de bovinos compostos Montana Tropical. Os grupos genéticos avaliados foram: animais puros, F1, outros cruzados e compostos Montana Tropical. Arquivo de pedigree foi utilizado no cálculo da geração de cada animal. Os dados foram ajustados para os efeitos de heterozigoses e heterose materna total. A estimativa de heterose, para cada indivíduo, foi obtida por diferença dos dados sem ajuste, e ajustados para os efeitos não aditivos. A heterose média para cada geração foi calculada, sendo a significância estatística dos contrastes de médias verificada por meio de teste de hipótese. As estimativas de heterose média a cada geração foram positivas. Para P205 e PE390, retenção de heterose na população foi evidenciada com níveis de heterose maiores e/ou iguais a geração F1. Para P390 é constatada queda acentuada da heterose da geração F1, para as subseqüentes, que pode ser evidência das perdas por recombinação gênica. Na população os animais são agrupados em tipos biológicos pela composição racial em: grupo N, raças zebuínas; grupo A, raças adaptadas; grupo B, raças britânicas; e grupo C, raças continentais. A fim de identificar os melhores touros, em relação à composição racial, a serem utilizados em fêmeas $\frac{1}{2}$ NxA, $\frac{1}{2}$ NxB e $\frac{1}{2}$ NxC, valor agregado da progênie foi calculado a partir dos efeitos genéticos aditivos e não-aditivos dos tipos biológicos estimados para população, para um índice e para cada característica que o compõe. Para fêmeas F1, a utilização de touros com média a alta fração de B, e média fração de A se beneficiam. O procedimento adotado foi eficaz e 65% dos touros classificados como superiores seriam selecionados, em quaisquer sistemas de produção de fêmeas F1, indicando alta capacidade de combinação. Dados dos

bovinos compostos foram analisados com o objetivo de avaliar o efeito da inclusão de epistasia nos modelos de avaliação genética. As características analisadas foram os pesos aos 205 (P205) e 390 dias (P390), e perímetro escrotal aos 390 dias (CE390). As análises foram realizadas pela metodologia de máxima verossimilhança considerando-se dois modelos: o modelo 1 que incluiu como covariáveis os efeitos aditivos diretos e maternos, e os não-aditivos das heterozigoses para os efeitos diretos e para o materno total, e o modelo 2, que considerou também o efeito de epistasia direto. Para comparação dos modelos foram utilizados o Critério de Informação de Akaike (AIC), o critério de informação Bayesiano de Schwartz (BIC), e o teste de razão de verossimilhança. Os dados foram ainda ajustados para os efeitos não-aditivos estimados, e submetidos à análise para obtenção de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos. A inclusão dos efeitos de epistasia no modelo de avaliação genética pouco alterou as estimativas de componentes de (co)variâncias e as herdabilidades. No entanto, foi significativamente superior pelo teste de verossimilhança. Pelo AIC, o modelo 2 também proporcionou melhor aderência aos dados. No entanto, pelo BIC, o modelo 2 foi o mais adequado, somente para P205. A contribuição dos efeitos genéticos não-aditivos, quando estimados utilizando o PROC GLM do SAS e pelo MTDFREML, foi também investigada e se os dados devem ser pré-ajustados para os efeitos não-aditivos ou, estes efeitos podem ser inclusos no modelo de avaliação genética como covariáveis, o modelo que considera a epistasia foi utilizado, sendo os dados ajustados para as soluções de efeitos não-aditivos obtidas. Valores genéticos dos tourinhos safra 2004 e dos touros classificados em TA, com 300 ou mais filhos mensurados; TM, com menos de 300 e mais de 39 filhos; e TB com menos de 40 filhos, para P205, foram organizados em arquivos, com a finalidade de se verificar alterações na magnitude das predições e no ordenamento dos animais, quanto aos dois métodos de correção para os efeitos não-aditivos. Correlações de Pearson e Spearman entre os valores genéticos para o peso aos 205 dias foram superiores a 0,94, podendo os efeitos não-aditivos serem incluídos nos modelos como covariáveis.

ABSTRACT

BUENO, Rachel Santos, D. Sc., Universidade Federal de Viçosa, August, 2007. **Genetic evaluation of beef cattle composite.** Adviser: Robledo de Almeida Torres. Co-advisers: José Bento Sterman Ferraz and Paulo Sávio Lopes.

Genetic groups were used to estimate the heterosis and its profile along generations in the population of Tropical Montana composite. The genetic groups evaluated were: pure breed animals, F1, other crossbreds and Tropical Montana composites. It was used a pedigree data to calculate each animal generation. The data were adjusted for the effects of total maternal heterozygosis and heterosis. The heterosis estimation for each animal was obtained by the difference of the non-adjusted data and the adjusted for the non additive effects. The average heterosis for each generation was calculated, being the statistical significance of the contrasts of the mean verified by the hypothesis test. The estimations of the average heterosis in each generation were positive for all the evaluated traits. For W205 and SC390, the heterosis retention in the population was detected. The difference of profile of the tendency line of W390 is observed in the strong diminishing of the heterosis of F1 generation in comparison to the following generations, which can be an evidence of loss for genetic recombination. In the population the animals are grouped in biological types by racial composition in: N group, *Bos indicus* breeds; group A, adapted breeds; group B, British breeds, and group C, continental breeds. It was identified the racial composition of Montana sires in the population simulated the crosses with females $\frac{1}{2}$ NxA, $\frac{1}{2}$ NxB e $\frac{1}{2}$ NxC and the resulted racial composition of the progeny. The aggregated value of the progeny was calculated from the additive and non additive genetic effects of the biological types estimated in the population, for an index and trait that compounds it. For the F1 females, the use of sires with high percentage of B, and moderate percentage of A are benefited, producing progenies with moderate to high magnitude heterosis coefficient. The

procedure used was efficient and 65% of the superior sires would be selected, in any system of F1 female production, indicating high capacity of combination. Data were analyzed with the objective of evaluating the effect of the epistasis in the models of genetic evaluation. The analyzed traits were weight at 205 (W205) and 390 days (W390), and scrotal circumference at 390 days (SC390). The analyzes were made by the maximum likelihood method, considering two models: the model 1 which included as covariates the direct and maternal additive effects, and non additive of the heterozygosis for the direct and total maternal, and the model 2, which also considered the direct epistasis direct. The Akaike Information Criteria (AIC) and the Bayesian of Schwartz Information Criteria (BIC) were used for the comparison of the models and the test of likelihood. The data were adjusted for the non additive effects estimated, and submitted to the analysis for the obtainment of the covariance and genetic parameters. The inclusion of the epistasis effects on the model did not alter much the estimation of the genetic additive (co)variances components and, consequently the heritability. However, it was significantly by the likelihood ratio test. By the AIC, the model 2 also gave better adherence to the data. Yet, by the BIC, the model 2 was more adequate, only for W205. The contribution of the non additive effects, when estimated by using the PROC GLM from SAS and by MTDFREML program, was investigated. It was also analyzed if the data must be pre-adjusted for the non additive effects or those effects can be included in the pattern of evaluation as covariates. The model that considers the epistasis was used, being the data adjusted for the non additive effects obtained. The genetic values of the steers (2004) and the sires classified in TA, with 300 or more measured sons; TM, with less than 300 and more than 39 sons, and TB with less than 40 sons, for the weight trait at 205 days were catalogued to verify alterations in the magnitude of predictions in relation with the two methods of correction for the non additive effects. Pearson and Spearman correlations among the genetic values for the weight at 205 days were superior than 0.94. The non additive effects can be included in the models as covariates.

INTRODUÇÃO GERAL

No melhoramento genético animal, os processos de seleção e cruzamento são sinérgicos, e benefícios podem ser alcançados pela utilização conjunta destas ferramentas. Os incrementos em variabilidade genética promovidos pela utilização de cruzamentos na formação de populações multirraciais devem levar a obtenção de maiores taxas de ganhos genéticos.

Neste ponto é importante lembrar que a avaliação genética de reprodutores continua sendo imprescindível, pois ao combinar a utilização de cruzamentos e seleção, tem-se condição de adequar mais rapidamente o genótipo dos animais para que tenham um bom desempenho produtivo nos mais diversos ambientes.

Um dos obstáculos para os sistemas de avaliação genética de animais cruzados tem sido a dificuldade em modelar com precisão não só os efeitos genéticos aditivos, mas, principalmente, os efeitos genéticos não aditivos.

Os efeitos de heterose, dominância e epistasia, podem causar impacto tanto nas características de crescimento quanto nas características reprodutivas, no entanto, são efeitos não transmitidos à progênie. Assim, é de extrema importância na correta identificação dos animais geneticamente superiores, o conhecimento sobre quanto das diferenças observadas nas características de interesse no melhoramento deve-se a fatores genéticos que são transmissíveis as futuras progênies por meio de seleção.

Quando os dados têm boa qualidade, são bem estruturados e existe ligação entre os rebanhos, os grupos de contemporâneos e os genótipos, a heterose pode ser estimada dos próprios dados a serem analisados. Modelos que estimam, simultaneamente, efeitos de heterose e aditivos (ambos individual e materno) ou estimam efeitos aditivos após ajuste para os efeitos de heterose são exemplos de modelos padrão, e estão em uso em populações de bovinos de corte nos EUA (Klei et al., 1996), Austrália (Johnston et al., 1999) e Brasil (Roso e Fries, 1998; Ferraz e Eler, 1999).

Os modelos usados em avaliações genéticas e programas de melhoramento consideram apenas os efeitos aditivos e de dominância. Apesar de estarem fortemente associados aos efeitos aditivos, e de dominância, o que dificulta sua estimação, existem evidências de efeitos epistáticos sobre características de produção, em cruzamentos de *Bos indicus* x *Bos taurus*, o que justifica a investigação da adição de componentes epistáticos aos modelos.

A estimação dos coeficientes para os efeitos epistáticos é bastante influenciada pela estrutura dos dados, sendo necessário que o conjunto de dados possua grande número de animais de gerações avançadas de cruzamento.

Com o andamento de um programa de melhoramento de compostos, espera-se que haja perda de heterose, devido a recombinações gênicas, que poderiam ser responsáveis por parte da superioridade observada nos cruzamentos. Essa redução da heterose observada na progênie de animais mestiços se deve, ao fato de seu valor esperado ser proporcional a diferença em frequências gênicas existentes entre as raças, envolvidas nos cruzamentos, e ser principalmente resultante de interações alélicas e não-alélicas.

O conhecimento dos efeitos genéticos aditivos e não aditivos das raças e/ou grupamentos raciais existentes em uma população composta, permite o planejamento e direcionamento do programa genético, de forma que as melhores combinações gênicas possam ser selecionadas e, aproveitem-se de ganhos em aditividade e complementaridade, permitindo ainda o ajuste dos melhores composições raciais para os diferentes sistemas de produção existentes.

REVISÃO DE LITERATURA

1. Efeitos genéticos não aditivos

Efeito aditivo pode ser definido como a ação individual do gene sobre uma característica. No caso de animais cruzados, este efeito está relacionado com a proporção de genes de uma determinada raça no indivíduo. Segundo Cunningham (1987), este componente do desempenho, para uma determinada característica, é proporcional à contribuição gênica de cada raça e pode ser calculada por: $A = \frac{1}{2} (P_1 + P_2)$ em que A é o efeito aditivo e P_1 e P_2 são as médias do desempenho das duas raças parentais.

Os desvios do valor genotípico do heterozigoto (A_1A_2) em relação à média dos homozigotos (A_1A_1 e A_2A_2) são atribuídos aos efeitos não-aditivos. Entre eles, têm-se os desvios de dominância, sobredominância, enquanto os efeitos epistáticos decorrem da interação entre alelos em loci diferentes.

A heterose, de modo geral resulta de diferentes combinações destes efeitos gênicos, e pode ser definida como uma medida relativa à média das linhas/raças parentais e se refere a qualquer desvio favorável, em relação à aditividade, nas populações cruzadas.

O grau de heterose obtido nos cruzamentos depende do nível de heterozigose materna e individual, do distanciamento genético entre as raças envolvidas, das frequências gênicas na população, da característica em questão e das interações com o ambiente (Fries, 1996).

Um dos fatores importantes na decisão da utilização de sistemas de cruzamento é a quantidade da heterose apresentada na geração F1 (heterose máxima) que é retida nas gerações seguintes.

A forma de cálculo, mais geral, que quantifica o valor da heterose com o avançar das gerações nos cruzamentos foi proposto por Dickerson (1969 e 1973)

$$R = [(n-1)/n]*100$$

em que R seria a proporção da heterose retida em relação à geração F1, e n seria o número de raças envolvidas na formação do mestiço.

Esta forma de cálculo se aplica desde que as raças formadoras do composto contribuam igualmente para ele. Quando isto não ocorre, tem-se a seguinte fórmula:

$$R = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2$$

em que Pi é a fração de cada uma das “n” raças usadas na formação do composto (Gregory e Cundiff, 1980).

Uma vez que entre os fatores que influenciam o grau de heterose está o distanciamento genético entre as raças envolvidas, é possível esperar maior magnitude nos valores de heterose para os cruzamentos entre *Bos indicus* x *Bos taurus*, comparativamente aos cruzamentos *Bos taurus* x *Bos taurus*.

A relação entre heterozigose e heterose depende da importância dos diferentes tipos de ação gênica não-aditiva. Segundo Gregory e Cundiff (1980), a linearidade entre heterozigose e heterose, em características determinadas por vários loci, ocorre quando a dominância é a principal causa da heterose.

A combinação de genes de diferentes raças pode levar tanto a ganhos por dominância (interação positiva dentro do loco) como a perdas epistáticas (interação negativa entre alelos de diferentes locos ou perda de ligações favoráveis construídas pela seleção artificial ou natural), ou ambos. Interação positiva entre diferentes locos, também, podem ocorrer e são estimados em conjunto com os efeitos de dominância, resultando na heterose. No animal cruzado, todas as formas de ação gênica e interação manifestam-se e o balanço líquido, para cada característica, entre efeitos de dominância e epistasia é que, normalmente, é estimado e interpretado como heterose. Em termos estatísticos, quando níveis de um efeito mudam as respostas dos níveis de um outro fator, então se diz que existe interação, e genes regulatórios, fatores de modificação, interações ou efeitos epistáticos são diferentes nomes para expressar efeitos não aditivos.

Fries et al. (2002) relataram que a seleção dentro de raça, ao longo do tempo, pode aumentar as frequências de alelos de genes em diferentes locos que juntos produzem efeitos favoráveis, além da média de seus efeitos separados. Segundo os autores, quando animais cruzados são usados na reprodução, a recombinação entre os alelos destes genes por meio do ‘crossing over’, que ocorre, caracteristicamente, na primeira divisão da meiose nos gametas dos animais cruzados, promove redução da frequência conjunta destes grupos de alelos parentais. Assim, concluíram que a ocorrência de efeitos epistáticos seria a razão para o reduzido uso de cruzamentos entre raças leiteiras *Bos taurus*. Kinghorn (2000) definiu epistasia como sendo “efeitos negativos, em animais cruzados, resultantes da ação conjunta de genes, com funções diferentes, que não estão acostumados a interagir entre si”.

Severo et al. (2002), analisando resultados observados por Piccoli et al. (2002) sobre o ganho de peso de animais cruzados até a desmama, relataram que parte das estimativas de heterose obtidas e relatadas na literatura até o momento poderiam ser interpretadas como complementariedade. A complementariedade representaria uma interação aditiva (como para crescimento ou elevado metabolismo dos *Bos taurus*) por aditiva (como para adaptação e resistência a parasitos dos *Bos indicus*).

2. Modelagem dos efeitos genéticos não aditivos

Madalena (2001) descreve a utilização do modelo aditivo-dominante que foi introduzido em plantas por Gardner & Eberhart (1966) e aplicado em animais pela primeira vez por Vencovsky et al. (1970). Uma das aplicações clássicas deste modelo foi realizada por Dickerson (1973) para medir o desempenho esperado em populações de animais cruzados, no qual a diferença aditiva entre as raças se define simplesmente como a diferença entre a média das raças puras e a heterose como sendo a diferença entre o desempenho da geração F1 e a média entre as raças parentais. O modelo proposto por Dickerson (1973) considera que este desempenho seja composto por:

-efeitos aditivos de raça, que são proporcionais à contribuição de genes de cada uma das raças envolvidas no cruzamento (g^i , g^m e g^p).

-efeitos de heterose (h^i , h^m e h^p) que são linearmente proporcionais à heterozigose.

-efeitos de recombinação (r^i , r^m e r^p) que assumem a recombinação como responsável por perdas de ligações favoráveis formadas no processo de seleção das raças puras. Os índices i, m e p referem-se aos respectivos efeitos diretos, maternos e paternos.

Griffing (1960) citado por Madalena (2001) sugeriu que a inclusão ao modelo aditivo-dominante de interações de efeitos aditivos x aditivos é interessante porque teoricamente a seleção pode aumentar a frequência de combinações não alélicas as quais seriam perdidas por recombinação nos cruzamentos entre raças. Kinghorn (1993) conceituou como “profit heterosis” a inclusão no modelo de efeitos quadráticos aditivos das raças, sendo que, avaliando características de crescimento, tais efeitos quadráticos seriam o produto entre genes para potencial de crescimento e genes que promovem adaptabilidade ao ambiente. Porém, um dos problemas ao se decidir incluir o efeito quadrático aditivo é a existência de altas correlações entre covariáveis linear e quadrática.

Dickerson (1973) e Eisen (1989) relataram os esforços de diversos autores em modelar outros efeitos aditivos não lineares, heteróticos e de interação entre genes a fim de aumentar a precisão das estimativas dos parâmetros em populações de animais cruzados. Eisen (1989) observou que nem sempre todos os parâmetros podem ser estimados, e que as análises preliminares podem indicar que certos parâmetros têm valor zero para algumas características e, nestes casos, podem ser eliminados do modelo. O autor ainda destacou a necessidade de diferentes tipos de acasalamentos, como retrocruzadas, F2 e gerações avançadas de cruzamentos a fim de estimar todos os parâmetros, sendo importante verificar problemas de multicolinearidade na matriz de delineamento.

O modelo aditivo-dominante é um dos modelos clássicos para medir o desempenho esperado em populações de animais cruzados, e Dickerson (1973) propôs a utilização do termo “recombination loss” (r) para estimar os efeitos denominados de perdas por recombinação, que seriam proporcionais aos desvios de linearidade entre a heterose e a heterozigose.

Outras duas propostas para estimar tais efeitos foram apresentadas por Kinghorn (1980), que denominou os efeitos de recombinação de “epistatic loss” (e), e propôs duas hipóteses X e Y para explicar tais efeitos. Segundo a hipótese “X” as perdas por recombinação seriam proporcionais à probabilidade de que dois genes não alélicos escolhidos ao acaso em um indivíduo diplóide tenham origem em raças diferentes. Já, na hipótese Y, tais efeitos seriam proporcionais à probabilidade de que ambos os alelos de um locus escolhido ao acaso, sejam de raça diferente daquela de um outro gene não-alélico escolhido ao acaso.

Segundo Koch et al. (1985), o modelo de Dickerson (1973) utiliza os pais como base para definir a recombinação, já a proposta de Kinghorn (1980) utiliza o próprio indivíduo. Assim, pela proposta de Dickerson (1973), o coeficiente que estima a recombinação esperada na geração F1 tem valor igual a zero, mas segundo a proposta de Kinghorn (1980), este valor seria igual a $\frac{1}{2}$. Demeke et al. (2003a) avaliaram estes dois modelos e afirmaram que os mesmos estão inter-relacionados, já que ambos baseiam-se na pressuposição de que os efeitos epistáticos são decorrentes da interação dos efeitos aditivos x aditivos.

As estimativas para os efeitos aditivos são semelhantes e independem de qual modelo foi utilizado para estimar os efeitos epistáticos: Dickerson (1973) ou Kinghorn (1980). Porém, estes modelos diferem muito em relação à estimação dos coeficientes para os efeitos heteróticos e epistáticos, sendo que o modelo de Dickerson indica ser o melhor, uma vez que proporcionou menor correlação entre os parâmetros e estimativas com menores erros-padrão para todas as características avaliadas (Demeke, 2003a e Teixeira, 2004).

3. Aplicação de modelos de avaliação genética multirracial

Numa avaliação genética multirracial, a modelagem utilizada, depende da população multirracial a ser analisada. Em grandes populações multirraciais de gado de corte composta de duas a quatro raças e seus cruzamentos, pode ser possível prever efeitos genéticos aditivos e não-aditivos dentro e entre raças, se há suficiente número de touros acasalados com os grupos raciais de vacas e se os grupos contemporâneos multirraciais estão conectados apropriadamente. Acima de quatro raças, provavelmente são necessários pressupostos mais elaborados (Elzo et al., 2001).

De acordo com a representatividade de raças particulares na população multirracial, estratégias de agrupamento podem ser alteradas. Se a população multirracial inclui grande número de raças, então grupos genéticos podem ser criados com os animais das raças de origem similar. É o caso da avaliação genética do Composto Montana Tropical, onde os animais são agrupados em quatro tipos biológicos (Sistema NABC) (Ferraz e Eler, 1999). Se uma das raças está presente em todos os animais e todas as outras raças têm pequena representatividade, então podem ser definidos dois grupos. Um exemplo é a população multirracial Chilena em que na avaliação genética os animais foram agrupados em Holandês e Outras raças (Elzo et al., 2004).

A heterogeneidade de variâncias genética aditiva, não-aditiva e ambiental será possível de estimar em populações multirraciais razoavelmente bem balanceadas, mas provavelmente será difícil estimá-la em populações multirraciais altamente não-balanceadas, como em rebanhos comerciais. Em casos extremos, por simplicidade ou por razões computacionais, pode ser incluído no modelo multirracial um conjunto simples de variâncias e covariâncias genéticas aditivas e apenas efeitos fixos de grupos genéticos não-aditivos, como feito por Ferraz e Eler (1999).

Como critério mínimo de estimabilidade da heterose, Roso e Fries (2000) recomendam que cada grupo de contemporâneos (GC) contenha pelo menos duas classes de heterozigotes das vacas e uma classe de heterozigose

dos produtos ou vice-versa. Caso contrário, os dois efeitos ficam confundidos e GCs deste tipo não contem nenhuma informação que auxilie a estimar as heteroses.

Os modelos padrão usados em avaliações genéticas e programas de melhoramento consideram apenas efeitos aditivos e de dominância. Apesar de estarem fortemente associados aos componentes aditivos e de dominância, o que dificulta sua estimação, existem suficientes evidências de efeitos epistáticos sobre características de produção, em cruzamentos entre *Bos indicus* e *Bos taurus*, para justificar a sistemática adição e teste de componentes epistáticos aos modelos operacionais (Arthur, 1999, Fries 2000).

Um grande problema na estimação dos efeitos epistáticos esta na pequena representabilidade de pais e avôs cruzados. Para que seja detectado um efeito significativo, uma grande proporção de reprodutores cruzados é requerida. A pequena proporção de reprodutores cruzados no banco de dados tem duas conseqüências. Primeiro, diminuição na expressão das perdas epistáticas porque pelo menos um alelo em cada locus seria de uma raça parental em uma proporção grande da progênie cruzada, que diminuiu a quebra das interações favoráveis estabelecidas nas raças puras (Kinghorn, 1983). Em segundo, aumento na dependência entre efeitos de dominância e epistasia, causando colinearidade entre estes dois efeitos.

A estimação dos coeficientes para os efeitos epistáticos é bastante influenciada pela estrutura dos dados, sendo necessário que o conjunto de dados possua grande número de animais de gerações avançadas de cruzamento.

Algumas estratégias que poderiam ser, tentativamente, utilizadas para a redução de perdas epistáticas, segundo Fries et al. (2000b), são:

1. Manter cruzamentos com diferentes combinações de diferentes F_1 ;
2. Promover cruzamentos de F_{1AB} (linha paterna) x F_{1CD} (linha materna), evitando o uso de fêmeas F_2 ;
3. Forte seleção sobre as linhas sintéticas, a fim de reconstruir interações positivas entre os genes, sendo que um modelo capaz de avaliar todos os

componentes genéticos levaria a uma seleção mais efetiva em superar os efeitos epistáticos.

4. Avaliações genéticas multirraciais de bovinos de corte

No Brasil, o tamanho de muitas explorações bovinas, tanto de raças puras como de cruzamentos, é muito grande. Grupos destas explorações têm formado alianças para melhorar a comercialização de seus produtos. Muitas delas têm acordos com pesquisadores de organizações privadas e semi privadas para conduzir avaliações genéticas (EMBRAPA; GENSYS; ANC HERD-BOOK COLLARES; USP/FZEA/GMA).

As associações de criadores do Brasil desempenham um papel importante nas avaliações genéticas nacionais para várias raças.

Dois grupos desenvolvem avaliações multirraciais no Brasil. A empresa GenSys Consultores Associados S/C Ltda que trabalham com duas populações multirraciais: o programa Natura, em que animais Angus e Brangus estão envolvidos, e o programa Conexão Delta G, constituída de animais das raças Nelore, Hereford e Braford. Em ambos os programas são emitidos catálogos anuais.

O Composto Montana Tropical desenvolvido pela CFM – Leachman Pecuária Ltda tem suas análises genéticas feitas pelo Grupo de Melhoramento Animal, pertencente a FZEA/USP, onde avaliações genéticas são regularmente emitidas em catálogos.

O programa de formação do composto optou por um sistema aberto, qualquer nova raça pode ser introduzida no programa a qualquer tempo, sem estabelecimento rígido de raças a serem utilizadas, mas sim definindo tipos biológicos, o qual consiste em agrupar as raças segundo as suas semelhanças de tipo, função, fisiologia, aspectos de crescimento e reprodução. Atualmente mais de 30 raças estão envolvidas no programa.

A metodologia básica de análise foi desenvolvida pelo Dr. Golden e colaboradores, no Departamento de Ciência Animal, na Universidade do Estado

do Colorado, EUA, e vem sendo implementada pelo GMA/FZEA/USP no Brasil.

O modelo genético considera como efeitos fixos grupos de contemporâneos, idade da vaca ao parto, e outros efeitos fixos relevantes, e como covariáveis, as chamadas *outcrossing percentages*, que se baseia nas porcentagens de cruzamentos entre os diferentes grupos raciais, com o objetivo de se isolar os efeitos da heterose. Como efeitos aleatórios, de animal e residual, e quando relevante para a característica em estudo, efeitos materno e permanente de meio. Os registros são corrigidos para as idades a mensuração pela técnica de polinômios.

A metodologia vem sendo estudada e modificações relevantes são empregadas conforme a confirmação de melhoria na estimação dos componentes de (co)variância, parâmetros genéticos e predições dos valores genéticos.

Existem pelo menos três tipos de aplicação de avaliações genéticas multirraciais (Miller, 1999). Quando se avalia toda as informações de raças puras e cruzadas, uma raça e seus respectivos cruzamentos, e somente uma raça é avaliada usando informações de diferentes associações.

A BIO é uma companhia de informação e de genética de bovinos de corte com sede em Guelph, Ontário, Canadá que promove a muitos anos rotineiramente avaliações genéticas multirraciais. Mais de 10 raças estão envolvidas, dentre elas: Angus, Blonde d'Aquitaine, Charolês, Gelbvieh, Hereford, Limousin, Maine-Anjou, Salers, Shorthorn, e Simental. As comparações entre raças são referidas como ABCs. Os registros são pré ajustados para heterose baseado na heterozigose. Para características de crescimento pré desmame, uma heterose direta e materna de 5% é assumida para um indivíduo com 100% de heterozigose, e de 3% para ganhos pós desmame, para qualquer das raças envolvidas (Sullivan et al., 1999). Modelo animal é utilizado assumindo homogeneidade de variância. O pedigree é utilizado para identificar os efeitos raciais. Maiores detalhes da metodologia utilizada é encontrado em Wilton e Miller (1994).

Pollak e Quaas (1999) descrevem suas experiências no programa de avaliação genética da população norte americana de Simental, que consideram animais dos Estados Unidos e Canadá, com diferentes porcentagens da raça Simental, sendo o objetivo avaliar todos os animais puros Simental e os cruzados.

A avaliação envolvendo a Associação Americana de Red Angus e a Associação Canadense de Angus (Preto e Vermelho) vem sendo implementada com o objetivo de incorporar as informações de animais Angus Preto pais de na avaliação Red Angus e animais Angus dos Estados Unidos na avaliação Angus do Canadá. A metodologia requer a cooperação de ambas as associações discutidas por Golden et al. (1994a e b).

REFERÊNCIAS

- ARTHUR, P. F., HEARNESHAM, 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**, v. 57, p. 231-241, 1999.
- CUNNINGHAM, E. P. Crossbreeding: The Greek Temple Model. **Jornal Breeding Genetics**, v. 104, n. 1, p. 2-11, 1987.
- DICKERSON, G. E. Experimental Approaches in utilizing Breed Resources. *Animal Breeding Abstracts*. Wallingford, UK, v. 37, n. 02, p. 191-202, 1969.
- DICKERSON, G. E. Inbreeding and heterosis in animals. In: Proceedings of the Animal Breeding and Genetics Symposium in Honor of Dr. J. L. Lush. American Society Animal Science. Champaign, IL, 54-77, 1973.
- EISEN, E. J. Genetic models to predict crossbreed performance: a review. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 3 (supplement), p. 13-26, 1989.
- ELZO, M. A. Notes for Program MREMLEM (version mremlem99-RBS.f90). *Animal Breeding Mimeo Series*, No. 35, University of Florida, Gainesville, pp. 1-9, 2001.
- ELZO, M. A., JARA, A., BARRIA, N. Genetic Parameters and Trends in the Chilean Multibreed Dairy Cattle Population. **Journal of Dairy Science**, v. 87, p. 1506-1518, 2004.
- FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P. Avaliação genética do composto Montana Tropical. **Revista Brasileira Reprodução Animal**, v. 23, n. 2, p. 111-113, 1999.
- FRIES, L.A.; JOHNSTON, D.J.; HEARNESHAW, H. et al. Evidence of epistatic effects on weaning weight in crossbred beef cattle. **Asian-Australian Journal of Animal Science**, v.13, B, Supplement, p. 242, 2000.
- GREGORY , K. E., CUNDIFF, L. V. Crossbreeding in Beef Cattle: evaluation of systems. **Journal of Animal Science**, v. 51, p. 1224-1242, 1980.
- KINGHORN, B. P. The expression of 'Recombination Loss' in quantitative traits. *Z. Tierzuchtg. Zuchtgsbiol.* 97:138-143, 1980.
- KINGHORN, B. P. Design of livestock breeding programs. *AGBU –UNE*, Armidale, NSW, P. 187-203, 1993.
- KLEI, L.; QUAAS, R. L.; POLLAK, E. J. et al. Multiple-breed evaluation. Available at: <http://www.abc.cornell.edu/abc/papers/klei/biftxt96.html>. Accessed Aug. 10, 2004.
- KOCH, R. M., DICKERSON, G. E., CUNDIFF, L. V. et al. Heterosis retained in advanced generations of crosses among Angus and Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, v. 60, p.1117-1132, 1985.
- JOHNSTON, D. J.; TIER, B.; GRASER, H. U. et al. Introducing BREEDPLAN Version 4.1. In: Proc. Assoc. Adv. Animal Breeding Genetic, Mandurah, WA, Australia 13(2):193–196, 1999.

- MADALENA, F. E. Consideraciones sobre modelos para la predicción del desempeño de cruzamientos em bovinos. **Archivo Latino-americano Producción Animal**, v. 5, p. 97-126, 2001.
- MILLER, S. P., GODDARD, M. E. The super-breed approach to modeling additive and non-additive genetic effects between and within breeds in multi-breed evaluations. **Proc. 6th World Congress of Genetic Applied Livestock Production**, v. 23, p. 97-100, 1998.
- POLLAK, E. J., QUAAS, R. L. Multibreed genetic evaluations of beef cattle. **Proc. 6th World Congress of Genetic Applied Livestock Production**, 23:81 1999.
- ROSO, V. M., FRIES, L.A. Avaliação das heteroses maternas e individual sobre o ganho de peso do nascimento ao desmame em bovinos Angus x Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 3, p. 732-737, 2000.
- ROSO, V.M.; FRIES, L.A. Um programa para planejar acasalamentos em bovinos de corte. In.: Simpósio Nacional da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2., 1998, Uberaba. **Anais...** Uberaba: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, p.359-360, 1998.
- TEIXEIRA, R. A. **Efeitos genéticos aditivos e não-aditivos que influenciam características reprodutivas e de crescimento em bovinos de corte.** Tese (doutorado) – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2004. Jaboticabal, vii, 83f., 2004.
- WILTON, J. W., MILLER, S. P. Multibreed evaluations for beef cattle. **Proc. 4th Beef Improvement Federation Genetic Prediction Workshop**, 1994.

CAPÍTULO I

Retenção de heterose ao longo das gerações de uma população formadora de bovinos de corte compostos

RESUMO - Grupos genéticos foram utilizados para estimar a heterose, e seu comportamento ao longo das gerações em uma população de bovinos compostos. Os grupos genéticos avaliados foram: animais puros, F1, outros cruzados e compostos Montana Tropical. Arquivo de pedigree contendo 417.765 registros foi utilizado no cálculo da geração de cada animal. As características estudadas foram pesos aos 205 (P205), e aos 390 dias (P390) e perímetro escrotal (PE390). Os dados foram ajustados para os efeitos de heterozigoses e heterose materna total, obtidos segundo modelo que considerava como efeitos fixos o grupo de contemporâneo, a classe de idade da mãe ao parto, as frações das heterozigoses diretas e maternas, e os efeitos aditivos diretos e maternos das raças. A estimativa de heterose, para cada indivíduo, foi obtida por diferença dos dados sem ajuste, e ajustados para os efeitos não aditivos, por característica estudada. A heterose média para cada geração foi calculada, sendo a significância estatística dos contrastes de médias verificada por meio de teste de hipótese. Para todas as características avaliadas as estimativas de heterose média a cada geração foram positivas. Para P205 e PE390, retenção de heterose na população foi evidenciada. Para ambas as características observam-se níveis de heterose maiores e/ou iguais à geração F1. Diferença do comportamento da linha de tendência de P390 é constatada na queda acentuada da heterose da geração F1, para as subseqüentes, que pode ser evidência das perdas por recombinação gênica. Tendência geral de constância da heterose retida da segunda para terceira geração do composto é observada.

CHAPTER I

Heterosis retention along generations of a forming population of bovine composite

ABSTRACT – Different genetic groups were used to estimate the heterosis and its profile along generations of a bovine composite population. The genetic groups evaluated were: purebred animals, F1, other crossbreds and Montana Tropical composite. In order to calculate the generation of each animal, 417.765 controlled animals were used. The traits observed were weight at 205 (W205) and at 390 days (W390) and the scrotal circumference (SC390). The data were adjusted for the effect of the total maternal heterozygosity and heterosis obtained according to the model which considered as fixed effects the contemporary group, the class of age of cow to be calving, the fractions of the direct and maternal heterozygosity, and the direct additive and maternal effects of the breeds. The heterosis estimation for each animal was obtained by the difference of the data without adjustment, and adjusted for the non-additive effects for each studied characteristic. The average heterosis for each generation was calculated, being the statistical significance of the contrasts of the mean verified by the hypothesis test. The estimations of the heterosis in each generation were positive for all the evaluated traits. For W205 and SC390, the heterosis retention in the population was detected. For both traits the heterosis was equal or higher than in F1 generation. The difference of profile of the tendency line of W390 is noticed in the strong diminishing of the heterosis of F1 generation in comparison to the following generations, which can be an evidence of loss for genetic recombination. There is a general tendency of heterosis retention in the second and third generation.

INTRODUÇÃO

Os cruzamentos têm se constituído em ferramenta cada vez mais importante dentro da cadeia produtiva da carne bovina. O crescimento do número de animais cruzados tem sido observado nos últimos anos, sobretudo, associado à estruturação de programas de cruzamento.

Euclides Filho (2000), ao analisar as condições predominantes na pecuária de corte de regiões tropicais, especialmente, no Brasil, sugeriu que o uso e formação de novas raças deveriam se fortalecer como alternativa importante para aumentar a eficiência de produção de carne nestas regiões.

Os compostos são grupamentos genéticos, formados por meio de cruzamentos entre animais de raças diferentes, que tentam utilizar os fenômenos de heterose e complementaridade em busca de animais mais produtivos, geneticamente superiores, selecionados de uma grande quantidade de animais nascidos (Ferraz e Eler, 2000)

A formação de compostos deve ser conduzida tendo-se, em mente, a expectativa de perda de heterose, especialmente, por recombinação, que poderia ser responsável por parte da superioridade observada nos cruzamentos. Essa redução da heterose observada nas progênies oriundas de animais mestiços se deve ao fato de seu valor esperado ser proporcional às diferenças em frequências gênicas existentes entre as raças envolvidas no cruzamento e, principalmente, em razão desta ser, em sua maior parte, resultante de interações alélicas e não-alélicas. Sendo assim, a heterose não pode ser transmitida integralmente às gerações subseqüentes.

Koch et al. (1989) verificaram, em cruzamentos de *Bos taurus* e *Bos indicus*, que significativos níveis de heterose podem ser mantidos em sistemas de cruzamento rotacional e em populações compostas, e declararam ainda, que populações compostas são uma eficiente alternativa para programas de cruzamento mais complexos, proporcionando uma base para se atingir e manter níveis ótimos de composição genética aditiva.

Gregory & Cundiff (1999) ressaltam que as populações compostas oferecerem um sistema alternativo de acasalamento, que é geralmente competitivo com os cruzamentos para exploração de heterose, e é mais fácil de manejar, independentemente do tamanho do rebanho. Segundo esses autores, a heterose retida em gerações posteriores é igual, ou maior do que a retenção de heterose esperada o que, garante ao longo do tempo, a manutenção do aumento de produtividade.

O projeto Montana Tropical[®] é um sistema aberto que não restringe a utilização de raças, que tragam expressiva contribuição ao desenvolvimento de composto. Assim, além de possibilitar a manutenção de níveis mais elevados de heterose permite que se incorpore na população, tanto o progresso genético obtido pelo seu programa de seleção, quanto àqueles alcançados nas raças formadoras.

Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi estimar a heterose total retida bem como, seu comportamento ao longo das gerações, em uma população de bovinos de corte compostos.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste trabalho são de bovinos de corte provenientes do programa Montana Tropical[®], obtidos em fazendas localizadas em nove estados do Brasil, relativos ao período de 1994 a 2004.

A população composta tem a contribuição de aproximadamente 33 raças, que foram agrupadas em tipos biológicos. Os grupos propostos são:

- Grupo N: animais *Bos indicus*, incluindo-se as raças já adaptadas no Brasil, como a Gir, Guzerá, Indubrasil, Nelore, Tabapuã e outros zebuínos de origem africana, como o Boran;
- Grupo 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;
- Grupo B: animais *Bos taurus* de origem britânica, como as raças Aberdeen Angus, Devon, Hereford, Red Angus, Red Poll, South Devon, etc., com predominância das raças Red Angus e South Devon.
- Grupo C: animais *Bos taurus* de origem na Europa continental, incluindo as raças Charolesa, Gelbvieh, Limousin, Pardo-Suiço, Simental, etc. Estas raças contribuirão na população composta com seu alto potencial de crescimento e rendimento e qualidade de carcaça.

Os grupos genéticos existentes na população e avaliados foram os animais puros, os F1, outros cruzados e compostos Montana Tropical. O critério de classificação dos animais, com base no sistema NABC, nestes grupos está apresentado na Tabela 1.

O arquivo de pedigree continha 417.765 registros de animais. O número da geração para cada animal foi calculado segundo Brinks et al. (1961). Foram consideradas as gerações: BP, animais da população formadora de raça pura; BF1, animais F1 da população formadora; BC, outros cruzados, não F1, da população formadora; M1, a primeira geração de indivíduos e/ou pais Montana;

Tabela 1. Critérios utilizados para classificar os animais em grupos genéticos em função da composição racial do sistema NABC

| Grupo Genético ¹ | NABC | Condições necessárias |
|-----------------------------|----------|---|
| 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 | $18,75 < N < 31,25\%$ e $43,75 < A < 56,25\%$ e $B < 6,25\%$ e $18,75 < C < 31,25\%$ |
| | 4 8 4 0 | $18,75 < N < 31,25\%$ e $43,75 < A < 56,25\%$ e $18,75 < B < 31,25\%$ e $C < 6,25\%$ |
| | X X X X* | $N < 37,25\%$ e $12,50 < A < 87,50\%$ e $B \leq 75\%$ e $C \leq 75\%$ e $(N+A) \geq 25\%$ e $(B+C) \leq 75\%$ |
| Puro (BP) | 16 0 0 0 | $N \geq 90\%$ |
| | 0 0 16 0 | $B \geq 90\%$ |
| BF1 | 8 8 0 0 | $40 \leq N \leq 60\%$ e $40 \leq A \leq 60\%$ |
| | 8 0 8 0 | $40 \leq N \leq 60\%$ e $40 \leq B \leq 60\%$ |
| | 8 0 0 8 | $40 \leq N \leq 60\%$ e $40 \leq C \leq 60\%$ |
| Outros (BC) | Y Y Y Y | Toda composição que não atenda nenhuma das condições acima descrita |

¹BF1: animais F1 para composição racial; B: animais cruzados, outros não F1 e Montana Tropical[®]

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

M2, a segunda geração de indivíduos e/ou pais Montana; e M3, a terceira geração e superiores de indivíduos e/ou pais Montana.

As características estudadas foram peso aos 205 dias (P205), peso aos 390 dias (P390) e perímetro escrotal (PE390). Os dados foram ajustados para os efeitos de heterozigoses diretas e materna total obtidos pelo modelo genético, descrito a seguir:

$$y_{ijk} = \mu + CG_i + CIMP_j + a_A^d(A_{ijk}^d - \bar{A}^d) + b_A^d(B_{ijk}^d - \bar{B}^d) + c_A^d(C_{ijk}^d - \bar{C}^d) + \\ + a_A^m(A_{ijk}^m - \bar{A}^m) + b_A^m(B_{ijk}^m - \bar{B}^m) + c_A^m(C_{ijk}^m - \bar{C}^m) + h_{NxA}^d(NxA_{ijk}^d - \overline{NxA}^d) + \\ + h_{Nx B}^d(NxB_{ijk}^d - \overline{NxB}^d) + h_{Nx C}^d(NxC_{ijk}^d - \overline{NxC}^d) + h_{Ax B}^d(AxB_{ijk}^d - \overline{AxB}^d) + \\ + h_{Ax C}^d(AxC_{ijk}^d - \overline{AxC}^d) + h_{Bx C}^d(BxC_{ijk}^d - \overline{BxC}^d) + h_T^m(MT_{ijk}^m - \overline{MT}^h) + e_{ijk}$$

Em que:

y_{ijk} é o valor fenotípico do animal k ajustado para a idade à mensuração;

μ é uma constante inerente a cada característica;

CG_i é o efeito fixo do grupo de contemporâneos i;

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

a_A^d, a_B^d, a_C^d são os coeficientes de regressão dos efeitos genéticos aditivos diretos associados as composições dos tipos biológicos, expressos como desvio 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 dos tipos biológicos, expressos como desvio do tipo biológico N;

$h_{NxA}^d, h_{Nx B}^d, h_{Nx C}^d, h_{Ax B}^d, h_{Ax C}^d, h_{Bx C}^d$ são os coeficientes de regressão das heterozigoses diretas;

h_T^m é o coeficiente de regressão da heterozigose materna total;

e_{ijk} é o efeito residual;

A definição de grupo de contemporâneos (GCs) 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.

A estimativa de heterose, para cada indivíduo, foi obtida por diferença dos dados sem ajuste e ajustados para os efeitos não aditivos, por característica estudada.

A heterose média para cada geração foi calculada. A significância estatística dos contrastes de médias foi verificada calculando-se a estatística *t de Student* a 1% de probabilidade. As análises estatísticas foram realizadas por meio do procedimento GLM do programa estatístico *Statistical Analysis System* (SAS, 1999).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 2 é apresentado o número de observações, por grupo genético e geração, do efeito de heterose para as características em estudo.

Tabela 2. Número de informações por grupo genético e geração para peso aos 205 dias (P205), peso aos 390 dias (P390) e perímetro escrotal aos 390 dias (PE390)

| Grupo Genético | Geração | P205 | P390 | PE390 |
|-----------------|---------|----------------|---------------|---------------|
| Puro | BP | 5.742 | 421 | 199 |
| F1 | BF1 | 46.882 | 14.657 | 1.813 |
| Outros Cruzados | BC | 13.721 | 4.971 | 1.333 |
| Montana | M1 | 71.749 | 39.528 | 18.101 |
| | M2 | 23.124 | 11.431 | 5.391 |
| | M3 | 4.350 | 1.974 | 879 |
| | | 165.578 | 72.982 | 27.716 |

Dados de 165.578 animais para P205 foram utilizados. Destes 99.223 ou 60% eram Montana Tropical, sendo que 72,3% eram de primeira geração, 23,3% de segunda e apenas 4,40% dos animais de terceira geração. Para P390, 72.982 animais foram mensurados, sendo que 52.933, ou 72,5% eram Montana. Destes, 74,7% são de primeira geração, 21,6% de segunda, e 3,70% de terceira geração. Para PE390, apesar de maior porcentagem de animais compostos Montana na população, 88% ou 24.371 animais do total de 27.716 mensurados, 74,3% dos animais Montana eram de primeira geração, 22,1% de segunda e apenas 3,61% de terceira geração.

A representatividade dos animais compostos Montana Tropical na população é alta. No entanto, os animais são na maioria de primeira e segunda

geração, o que é esperado, visto ser uma população de compostos bovinos em formação.

Na Tabela 3 são apresentados os valores de heterose média e erros-padrão, em kg para peso aos 205 e 390 dias, e em cm, para perímetro escrotal aos 390 dias nas diferentes gerações.

Tabela 3. Estimativas de heterose média e erros-padrão (EP) por geração para as características peso aos 205 dias (P205), peso aos 390 dias (P390) e perímetro escrotal aos 390 dias (PE390)

| Geração ¹ | P205 (kg) | | P390 (kg) | | PE390 (cm) | |
|----------------------|-----------|-------|-----------|-------|------------|-------|
| | Média | EP | Média | EP | Média | EP |
| BP | 0,004 | 0,002 | 0,007 | 0,155 | 0,000 | 0,011 |
| BF1 | 3,319 | 0,008 | 9,197 | 0,026 | 0,451 | 0,004 |
| BC | 4,033 | 0,014 | 4,266 | 0,045 | 0,554 | 0,004 |
| M1 | 4,825 | 0,006 | 1,898 | 0,016 | 0,481 | 0,001 |
| M2 | 5,594 | 0,011 | 3,410 | 0,030 | 0,447 | 0,002 |
| M3 | 5,372 | 0,025 | 3,326 | 0,071 | 0,454 | 0,005 |

¹BP: animais puros; BF1: animais F1; BC: animais cruzados, exceto F1 e Montana Tropical; M1, M2 e M3: animais Montana de 1^a, 2^a e 3^a geração, respectivamente;

Para todas as características avaliadas as estimativas de heterose média a cada geração foram positivas. Os ganhos atribuídos a heterose na população composta são de aproximadamente 5,0 kg, 3,0 kg e 0,45 cm, para as características peso aos 205 dias, peso aos 390 dias e perímetro escrotal aos 390 dias, respectivamente.

Abdel-Aziz et al. (2003) ao trabalharem com cruzamentos entre Afrikander e raças europeias na África do Sul, encontraram estimativas com magnitudes próximas às obtidas neste estudo, de 5,34 kg e 2,19 kg, respectivamente, para ganhos atribuídos a heterose direta e materna, para peso a desmama.

Burrow et al. (2001), em trabalho de revisão, encontraram heterose média entre taurinos de 7,4 kg (16 estudos) e entre taurinos x zebuínos de 21,7 kg (10 estudos) para peso a desmama, e de 13,2 kg (27 estudos) para as raças taurinas na característica peso ao sobreano.

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 ($P < 0,01$).

Estimativas médias do efeito de heterose foram, em geral, concordantes com as apresentadas na literatura, e com estudos prévios realizados nesta população por Mourão (2005).

Na Figura 1 estão as representações gráficas das médias de heterose nas diferentes gerações para as características em estudo.

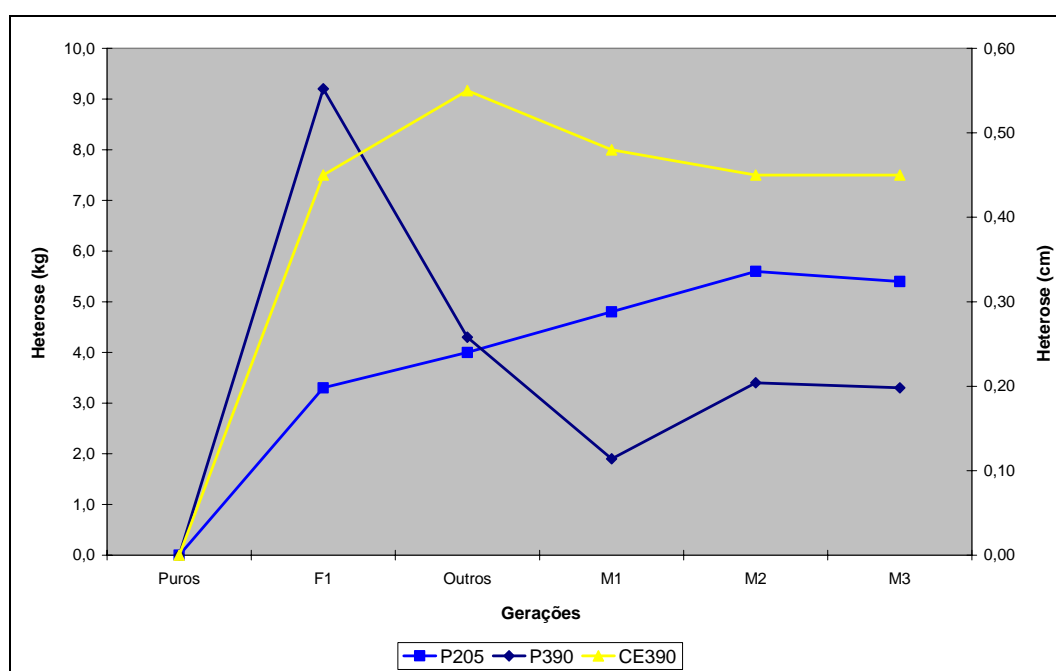


Figura 1. Heterose média para as características P205, P390 e CE390 das diferentes gerações.

Para P205 e PE390 a retenção de heterose na população é evidenciada. Para ambas as características observam-se níveis de heterose maiores e/ou iguais aos da geração F1.

As características peso aos 205 e perímetro escrotal são intensamente trabalhadas no programa de seleção. Apesar de não se observar para estas características, queda da estimativa de heterose da geração F1 para as gerações subseqüentes esperam-se quedas em decorrência de perda por recombinação gênica.

A diferença no comportamento da característica P390, principalmente com queda acentuada da heterose da geração F1, para as demais, não é justificada somente pela perda por recombinação. Outras causas devem ser investigadas, como práticas de manejo aplicadas neste período e/ou safra que possam ter influenciado os resultados, incluindo-se falhas no processo de seleção, e/ou mudanças no direcionamento do programa.

Os contrastes entre as médias de heterose revelaram, ao longo das gerações, mudanças significativas nos valores de heterose média ($P < 0,01$).

Estimativas dos contrastes de médias de heterose dos grupos genéticos nas gerações, em todas as características avaliadas, encontram-se na Tabela 4.

A estatística *t de Student* é o resultado da divisão da estimativa do contraste pelo respectivo erro-padrão.

Cabe aqui ressaltar que o teste *t* é bastante sensível. Mesmo para contrastes próximos ou iguais a zero, apresentou-se significativo a 1%. Assim, maior quantidade de dados e mais gerações são necessários para avaliações pormenorizadas da heterose e seus impactos nos sistemas de produção.

Tabela 4. Estimativas dos contrastes de médias de heterose dos grupos genéticos e gerações, das características peso aos 205 dias (P205), peso aos 390 dias (P390) e perímetro escrotal aos 390 dias (PE390)

| Contraste ^{1,2} | P205 (kg) | P390 (kg) | PE390 (cm) |
|--------------------------|-----------|-----------|------------|
| BF1-BP | 3,315 | 9,190 | 0,451 |
| BF1-BC | -0,714 | 4,931 | -0,103 |
| M1-BP | 4,821 | 1,891 | 0,481 |
| M2-BP | 5,589 | 3,404 | 0,447 |
| M3-BP | 5,367 | 3,320 | 0,454 |
| M1-BF1 | 1,506 | -7,300 | 0,030 |
| M2-BF1 | 2,274 | -5,787 | 0,004 |
| M3-BF1 | 2,053 | -5,871 | 0,003 |
| M1-BC | 0,792 | -2,369 | -0,073 |
| M2-BC | 1,561 | -0,856 | -0,107 |
| M3-BC | 1,339 | -0,940 | -0,100 |
| M2-M1 | 0,768 | 1,513 | -0,034 |
| M3-M2 | -0,222 | -0,080 | 0,007 |

¹BP – animais puros; BF1- animais cruzados, exceto F1 e Montana; M1, M2 e M3 – Montana das gerações 1, 2 e 3., respectivamente;

²Todos os contrastes foram significativos a 5% de probabilidade.

CONCLUSÕES

Existe efeito de heterose para as características P205, P390 e PE390 em função dos cruzamentos estabelecidos na população para a formação do composto.

Testes indicaram diferenças nos níveis de heterose, no entanto, observa-se aumento na retenção de heterose ao longo das gerações para as características P205 e PE390, e para P390 nas últimas gerações.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABDEL-AZIZ M.; SCHOEMAN S.J.; JORDAAN G.F. Estimation of additive, maternal and non-additive genetic effects of preweaning growth traits in a multibreed beef cattle project. **Animal Science Journal**, v. 74, n. 3, p. 169-179, 2003.
- BRINKS, J.W.; CLARK, R.T.; RICE, F.J. Estimation of genetic trends in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.20, p.903, 1961.
- BURROW H. M.; MOORE S. S.; JOHNSTON D. J. et al. Quantitative and molecular genetic influences on properties of beef: a review. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, vol. 41, n. 7 , p. 893-919, 2001
- EUCLIDES FILHO, K. **Bovinos de corte no Brasil: sistemas de produção e relações com a cadeia produtiva da carne e mercado**. Embrapa Gado de Corte. 2000.
- FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P. Desenvolvimento de Bovinos de Corte Compostos no Brasil: O Desafio do Projeto Montana Tropical. IN: III SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL. 2000. **Anais ...2000**. Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal [2000] (CD-ROM).
- FRIES, L. A.; GRASER, H. U.; JOHNSTON, D. J. et al. Using ridge regression to estimate genetic effects in crossbred beef cattle. **Asian-Australian Journal of Animal Science**, v. 13, supl. B., p. 241, 2000.
- GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V. Breeding programs to use heterosis and breed complementarity. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v. 23, p. 65-77, 1999.
- KOCH, R.M. CUNDIFF, L.V.; GREGORY, K.E. Beef cattle breed resource utilization. **Brazilian Journal of Genetics**, v. 12, p.55-80, 1989.
- MOURAO, G. B. **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, SP: FZEA, 2005. 109 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos/ Universidade de São Paulo, 2005.
- STATISTICAL ANALYSES SYSTEM - SAS. **SAS/STAT user'guide**, version 8.0 ed. Cary: 1999. v.1, 943p.
- TEIXEIRA, R. A. **Efeitos genéticos aditivos e não aditivos que influenciam características reprodutivas e de crescimento em bovinos de corte**. 2004. 83f. Tese (Doutorado) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2004.

CAPÍTULO II

Composição racial de bovinos compostos para acasalamento com diferentes grupos genéticos de fêmeas

RESUMO - Procedimento foi proposto para identificar dentro de uma população composta, os melhores touros, em relação à composição racial, pelo sistema NABC, que seriam utilizados em fêmeas F1, para maximizar a utilização dos efeitos raciais na progênie. No programa de compostos, as raças são agrupadas em: grupo N, raças zebuínas; grupo A, raças adaptadas ao clima tropical; grupo B, raças européias de origem britânica; e grupo C, para as raças européias de origem continental. Foi identificada a composição racial dos touros Montana existentes na população, simulados os acasalamentos com fêmeas $\frac{1}{2}$ NxA, $\frac{1}{2}$ NxB e $\frac{1}{2}$ NxC, e a composição racial da progênie resultante encontrada. O valor agregado da progênie foi computado a partir dos efeitos genéticos aditivos e não-aditivos dos tipos biológicos estimados para população, para um índice e para cada característica que o compõe. Para fêmeas F1, a utilização de touros com média a alta fração de B, e média fração de A é benéfica, e gera filhos com coeficientes de heterozigoses totais que variam de média à alta magnitude. O procedimento adotado é eficaz, visto que favorece o índice no mínimo em 194% em relação à média, e 65% dos melhores touros seriam selecionados, em quaisquer sistemas de produção de fêmeas F1, o que indica alta capacidade de combinação destas composições. Em virtude dos valores agregados das características e índices, serem consequência das estimativas dos efeitos aditivos e não-aditivos utilizados, assim como dos coeficientes de ponderação das características no índice, alterações nestes efeitos, e/ou modificação nos critérios de seleção, implicam em mudanças na composição racial pelo sistema NABC dos melhores touros.

CHAPTER II

Racial composition of composite bovine for mating with different female genetic groups

ABSTRACT – Procedure was proposed with the objective of identifying the best sires in a composite population in relation to the racial composition, by NABC system, to be used in F1 females. The aim of this procedure was to optimize the use of racial effects on the progenie. In a composite formation program the breeds are grouped in: Group N, *Bos indicus*; Group A, adapted to tropical climate; Group B, British and Group C, continental. It was identified the racial composition of Montana bulls in the population simulated the crosses with females $\frac{1}{2}$ NxA, $\frac{1}{2}$ NxB e $\frac{1}{2}$ NxC and the resulted racial composition of the progenie. The aggregated value of the progenie was calculated from the additive and non-additives genetic effects of the biological types estimated in the population, for an index and characteristic that compounds it. For the F1 females, the use of bulls with high percentage of B, and moderate percentage of A are benefited, producing progenie with moderate to high magnitude heterosis coefficient. The procedure used was efficient, considering that the index was at least 194% higher in relation to the mean, and 65% of the superior siresm would be selected, in any system of F1 female production, indicating the high capacity of combination of these compositions. Due to the aggregated value of the characteristics and indexes being consequence of the estimation of the additive and non-additive effects used as well as the ponderable coefficient in the indexes characteristics, alterations in these effects and or modifications in the selection criteria imply changes in the racial composition by the NABC system of the best sires.

INTRODUÇÃO

Em um programa de cruzamentos, é importante a predição do desempenho das gerações subseqüentes, para definir e tornar os sistemas mais eficientes. Combinar diferentes raças em uma população fornece uma excelente oportunidade de explorar as vantagens da contribuição das raças. No entanto, a capacidade combinatória das raças envolvidas e a contribuição particular de cada uma delas no esquema de cruzamentos devem ser investigadas.

Um dos grandes fatores limitantes dos programas de cruzamentos na pecuária de corte do Brasil é a falta de adaptação dos touros de origem européia ao regime de pasto (Ferraz e Eler, 2000). Assim, touros compostos geneticamente avaliados, provenientes de programas conduzidos adequadamente, que se reproduzam a campo, podem se constituir em uma ferramenta de grande alcance, para o aumento da produtividade dos rebanhos brasileiros.

Não existe grupo genético, seja raça pura, cruzado e/ou composto, superior em todas as características para produção de carne bovina. Qualquer sistema de cruzamento, além de explorar, a heterose e complementaridade das raças, deve compatibilizar o potencial genético, as condições de meio e restrições de mercado, sendo a forma mais efetiva de melhorar geneticamente a eficiência de produção.

O Montana Tropical®, por se tratar de bovino composto em formação, para o aprimoramento, direcionamento e sucesso do programa de melhoramento, são essenciais avaliações genéticas (Mourão, 2005). Da mesma forma, o direcionamento de determinadas composições genéticas de touros para cada raça ou grupo genético materno são altamente desejáveis e, neste caso, a predição do impacto da utilização destes touros em rebanhos comerciais reveste-se da maior importância.

A composição racial ótima de uma raça sintética para uma característica foi determinada empiricamente por Kinghorn (1980) e Alenda e

Martin (1981). Tais métodos empíricos envolvem testar todas as possíveis combinações raciais a fim de encontrar a melhor combinação. Porém, a utilização desta metodologia torna-se mais difícil com o aumento no número de raças envolvidas.

Lin (1996) descreve uma metodologia alternativa para a determinação da composição racial ótima, na qual a maximização do mérito total de uma população sintética é o objetivo, sendo o mérito total definido como uma combinação linear de valores genotípicos ponderadas pelo valor econômico correspondente a cada característica.

Neste contexto a avaliação dos diferentes tipos biológicos quanto aos efeitos genéticos aditivos e não-aditivos, direto e materno, podem ser usados para se identificar à composição ideal e/ou as melhores composições entre as existentes na população composta para diferentes sistemas de produção.

No programa Montana Tropical[®] as raças são agrupadas em função de sua origem genética e da sua aptidão zootécnica em quatro grandes tipos biológicos que se enquadram no sistema conhecido como NABC: grupo N - raças zebuínas, principalmente a Nelore; grupo A - raças adaptadas ao clima tropical; grupo B - raças européias de origem britânica; e grupo C - raças européias de origem continental (Ferraz e Eler, 1999).

Com base no sistema NABC, acima descrito, o objetivo deste estudo é identificar dentre os touros Montana já existentes na população, os que acasalados com fêmeas F1, $\frac{1}{2}$ NxA, $\frac{1}{2}$ NxB e $\frac{1}{2}$ NxC, proporcionem as melhores progênies em termos de composição racial.

MATERIAL E MÉTODOS

Proposta de procedimento para escolha da composição racial de touros, que poderiam ser utilizados em diferentes sistemas de cruzamento, foi desenvolvida com base na maximização do valor agregado da progênie, computadas a partir dos efeitos genéticos aditivos e não aditivos estimados para população das características utilizadas como critérios de seleção no programa de melhoramento.

A partir do banco de dados Montana safra 2006, foram identificadas as composições raciais dos touros Montana, com o total de 1.685 combinações NABC. Com o objetivo de identificar entre estas, qual as melhores composições de touros para os sistemas de cruzamento comerciais de fêmeas $\frac{1}{2}$ NxA, $\frac{1}{2}$ NxB e $\frac{1}{2}$ NxC, foi realizada simulação dos possíveis acasalamentos e as progênies resultantes avaliadas em termos de composição racial.

Com base na composição racial dos grupos genéticos de fêmeas F1 dentro do sistema de tipos biológicos NABC foram geradas as composições raciais dos pais destes indivíduos, principalmente com o propósito de computar a contribuição racial materna.

Estimativas de efeitos aditivos e não aditivos foi obtida de Mourão (2005). Estas estimativas quantificam a contribuição genética aditiva direta e materna, e não-aditiva, expressa pelas heterozigoses direta e materna, dos tipos biológicos NABC nesta população, como desvio do grupo N, para as características de interesse, são apresentados na Tabela 1.

Tabela 1. Estimativas dos efeitos aditivos diretos e maternos e não-aditivos das heterozigoses direta e materna total, para as características em estudo

| Efeitos genéticos ² | Características ¹ | | | | |
|--------------------------------|------------------------------|--------|--------|------|--------|
| | PNAS | PDES | GP | PE | MUSC |
| A _M | 2,74 | -36,64 | 6,32 | 1,05 | -0,297 |
| B _M | 4,74 | -7,74 | -6,00 | 0,74 | -0,186 |
| C _M | 4,00 | 1,46 | -11,35 | 1,76 | 0,149 |
| A | -2,09 | 15,20 | 7,37 | 2,39 | 0,42 |
| B | -3,90 | 17,24 | 4,47 | 4,77 | 0,24 |
| C | -1,50 | 6,30 | 22,89 | 1,74 | -0,31 |
| NxA | 0,81 | 0,39 | -5,87 | 0,52 | -0,084 |
| NxB | 1,36 | 3,82 | 9,34 | 0,66 | 0,171 |
| NxC | 0,43 | 6,73 | -4,38 | 1,60 | 0,463 |
| AxB | 0,47 | 8,34 | -0,04 | 0,40 | 0,149 |
| AxC | 0,29 | 6,38 | -5,43 | 0,84 | 0,265 |
| BxC | 0,17 | 3,73 | -4,52 | 1,71 | 0,347 |
| Materna Total | 0,40 | 4,75 | -5,87 | 0,08 | -0,017 |

Fonte: Mourão (2005).

¹PNAS = peso ao nascimento; PDES = peso aos 205 dias; P390 = peso aos 390 dias; GP= ganho de peso de 205 a 390 dias; PE= perímetro escrotal aos 390 dias; MUSC= musculosidade aos 390 dias;

²A_M, B_M e C_M = efeitos aditivos maternos para os tipos biológicos A, B e C, respectivamente.

O valor agregado de cada indivíduo foi então computado a partir dos efeitos genéticos aditivos e não-aditivos dos tipos biológicos acima, que constituem sua composição, para cada característica, e ainda, para um índice utilizado no programa de melhoramento. O critério de seleção que inclui os valores genéticos do peso ao nascimento (PNAS), peso aos 205 dias (PDES), ganho de peso de 205 a 390 dias (GP), perímetro escrotal aos 390 dias (CE) e

musculosidade aos 390 dias (MUSC), padronizadas, por terem unidades de medidas e magnitudes diferenciadas, é descrito a seguir:

$$M = -\left(\frac{\text{PNAS}}{0,5595728}\right) + 3\left(\frac{\text{PDES}}{6,0936898}\right) + 4\left(\frac{\text{GP}}{1,5776450}\right) + \left(\frac{\text{CE}}{0,5307782}\right) + \left(\frac{\text{MUSC}}{0,061376}\right)$$

Os desvios-padrão para cada uma das características, utilizadas no índice, foram obtidos dos resultados encontrados por Mourão (2005) para a população Montana.

A fim de identificar ainda, quanto deste valor é atribuído a efeitos de heterose, o mesmo índice foi calculado considerando somente os efeitos aditivos das contribuições NABC para as características e por diferença foram estimados os efeitos de heterose, proporcionado pela combinação racial dos tipos biológicos no indivíduo.

As inferências quanto à escolha das combinações raciais de tipos biológicos foram realizadas para 1% dos melhores touros Montana para o índice e para cada grupo genético de vaca F1 avaliado.

RESULTADOS

1. Fêmeas $\frac{1}{2}$ NxA

Na Tabela 1 estão descritas as composições raciais, pelo sistema NABC, dos 1% melhores touros Montana, a serem acasalados com fêmeas $\frac{1}{2}$ NxA, e a composição racial da progênie resultante.

Para utilização em rebanhos de fêmeas $\frac{1}{2}$ NxA, os melhores touros apresentaram composição racial de média a alta fração de B (37-75%) e média fração de A (25%), produzindo animais com alta porcentagem de heterozigose total (84-88%), sobretudo para NxB e AxB.

Valores agregados das progênies calculados para as características avaliadas no programa; para o índice, considerando os efeitos aditivos e não-aditivos, e apenas os efeitos aditivos; e o desvio devido à heterose; são também apresentados na Tabela 1.

Para a característica PNAS, a escolha dos touros quanto à composição racial, proporcionou valores positivos e desfavoráveis, e favoráveis para todas as demais características. Ganhos em média de 0,43 kg, 2,19 kg, 3,57 cm, 0,17 pontos e, 4,19 kg, foram obtidos para as características PNAS, PDES, PE, MUSC e GP, respectivamente.

A utilização de touros com a composição racial do 1% em fêmeas $\frac{1}{2}$ NxA, levaria a um aumento de 194% em relação a média do índice, estimado para todos os touros Montana, que foi de $6,98 \pm 4,28$.

A partir dos índices, observa-se que, os efeitos aditivos raciais foram positivos, e os efeitos não-aditivos negativos, estando inclusos nestes, os efeitos de heterose e a complementaridade de raças.

Tabela 2. Composições raciais de acordo com o sistema NABC, para os touros Montana, para sua progênie com fêmeas $\frac{1}{2}$ NxA, e os valores agregados da progênie para os critérios de seleção avaliados

| Composição racial | | | | | | | | Valores Agregados | | | | | | | |
|-------------------|------|------|------|----------|------|------|------|------------------------------|------|------|------|--------|-------|---------|----------|
| Touros | | | | Progênie | | | | Características ¹ | | | | Índice | | | |
| N | A | B | C | N | A | B | C | PNAS | PDES | PE | MUSC | GP | Total | Aditivo | Heterose |
| 0,00 | 0,25 | 0,75 | 0,00 | 0,25 | 0,38 | 0,38 | 0,00 | 0,31 | 3,20 | 3,75 | 0,19 | 4,48 | 22,58 | 25,39 | -2,81 |
| 0,00 | 0,25 | 0,73 | 0,01 | 0,25 | 0,38 | 0,37 | 0,01 | 0,33 | 3,01 | 3,72 | 0,19 | 4,41 | 22,14 | 25,31 | -3,16 |
| 0,00 | 0,25 | 0,68 | 0,06 | 0,25 | 0,38 | 0,34 | 0,03 | 0,36 | 2,76 | 3,67 | 0,18 | 4,39 | 21,78 | 25,87 | -4,09 |
| 0,00 | 0,25 | 0,62 | 0,12 | 0,25 | 0,38 | 0,31 | 0,06 | 0,40 | 2,46 | 3,62 | 0,18 | 4,37 | 21,35 | 26,55 | -5,20 |
| 0,00 | 0,25 | 0,56 | 0,18 | 0,25 | 0,38 | 0,28 | 0,09 | 0,44 | 2,16 | 3,57 | 0,18 | 4,35 | 20,92 | 27,22 | -6,31 |
| 0,00 | 0,25 | 0,50 | 0,25 | 0,25 | 0,38 | 0,25 | 0,13 | 0,47 | 1,96 | 3,55 | 0,17 | 4,40 | 20,78 | 28,21 | -7,43 |
| 0,03 | 0,25 | 0,67 | 0,04 | 0,27 | 0,38 | 0,34 | 0,02 | 0,39 | 2,42 | 3,61 | 0,18 | 4,11 | 20,58 | 25,05 | -4,47 |
| 0,03 | 0,25 | 0,65 | 0,06 | 0,27 | 0,38 | 0,33 | 0,03 | 0,40 | 2,32 | 3,59 | 0,17 | 4,10 | 20,44 | 25,28 | -4,84 |
| 0,04 | 0,25 | 0,70 | 0,00 | 0,27 | 0,38 | 0,35 | 0,00 | 0,38 | 2,48 | 3,62 | 0,18 | 4,02 | 20,42 | 24,41 | -3,99 |
| 0,04 | 0,25 | 0,67 | 0,03 | 0,27 | 0,38 | 0,34 | 0,02 | 0,40 | 2,33 | 3,59 | 0,17 | 4,01 | 20,20 | 24,74 | -4,54 |
| 0,00 | 0,25 | 0,43 | 0,31 | 0,25 | 0,38 | 0,22 | 0,16 | 0,52 | 1,51 | 3,47 | 0,17 | 4,31 | 19,98 | 28,69 | -8,71 |
| 0,03 | 0,25 | 0,60 | 0,10 | 0,27 | 0,38 | 0,30 | 0,05 | 0,44 | 1,98 | 3,53 | 0,17 | 4,02 | 19,78 | 25,53 | -5,75 |
| 0,03 | 0,25 | 0,54 | 0,17 | 0,27 | 0,38 | 0,27 | 0,09 | 0,47 | 1,77 | 3,50 | 0,17 | 4,06 | 19,64 | 26,52 | -6,88 |
| 0,06 | 0,18 | 0,56 | 0,18 | 0,28 | 0,34 | 0,28 | 0,09 | 0,51 | 1,62 | 3,49 | 0,16 | 4,12 | 19,56 | 25,79 | -6,23 |
| 0,00 | 0,25 | 0,37 | 0,37 | 0,25 | 0,38 | 0,19 | 0,19 | 0,56 | 1,21 | 3,42 | 0,16 | 4,29 | 19,55 | 29,37 | -9,82 |
| 0,06 | 0,25 | 0,68 | 0,00 | 0,28 | 0,38 | 0,34 | 0,00 | 0,41 | 2,19 | 3,56 | 0,17 | 3,83 | 19,52 | 24,01 | -4,49 |
| 0,04 | 0,25 | 0,60 | 0,09 | 0,27 | 0,38 | 0,30 | 0,05 | 0,45 | 1,88 | 3,51 | 0,17 | 3,92 | 19,41 | 25,22 | -5,82 |

¹ PNAS – peso ao nascimento; PDES – peso aos 205 dias; CE – perímetro escrotal aos 390 dias; MUSC – musculabilidade aos 390 dias; GP – ganho de peso de 205 a 390 dias;

² Índice total – considera os efeitos aditivos e não-aditivos; Índice aditivo – considera somente os efeitos aditivos; Heterose – desvio do índice total e aditivo.

2. Fêmeas $\frac{1}{2}$ NxB

Na Tabela 2 são apresentadas as composições raciais, de acordo com o sistema NABC, o top 1% dos touros, para as fêmeas $\frac{1}{2}$ NxB, e a composição da progênie proveniente destes acasalamentos.

Os melhores touros possuem composição racial de média a alta fração de B (31-75%) e média fração de A (25%) pelo sistema NABC, incluindo, neste caso, algumas composições com média fração de C (<50%), e promovem na progênie, de média a alta porcentagem de heterozigose total (61-88%), sobretudo NxB e, em menor importância NxA e AxB.

Valores agregados para as características e índices, utilizados como critérios de seleção foram calculadas para cada composição racial da progênie (Tabela 2). Os valores foram desfavoráveis e positivos para PNAS e, negativos para GP, indicando perda de peso no período avaliado. No entanto, foram favoráveis para PDES, CE e MUSC.

Para as características PNAS, PDES, CE, MUSC e GP, os valores agregados médios foram de 0,94 kg, 15,28 kg, 3,99 cm, 0,17 pontos e -2,34 kg, respectivamente.

Na utilização do índice como critério de seleção observa-se que o desvio da heterose foi negativo para o desempenho. No entanto, a contribuição dos efeitos aditivos raciais foi positiva, resultando em valores agregados do índice total também positivo.

A média do índice total para todos os touros avaliados foi de $2,88 \pm 2,63$, sendo que o uso do top1% dos touros nas fêmeas $\frac{1}{2}$ NxB leva a índices com diferença média de 251% em relação à média.

Tabela 3. Composições raciais de acordo com o sistema NABC, para os touros Montana, para sua progênie com fêmeas $\frac{1}{2}$ NxB, e os valores agregados da progênie para os critérios de seleção avaliados

| Composição racial | | | | | | | | Valores Agregados | | | | | | | |
|-------------------|------|------|----------|------|------|------|------|------------------------------|-------|------|------|--------|-------|---------|----------|
| Touros | | | Progênie | | | | | Características ¹ | | | | Índice | | | |
| N | A | B | C | N | A | B | C | PNAS | PDES | CE | MUSC | GP | Total | Aditivo | Heterose |
| 0,00 | 0,25 | 0,75 | 0,00 | 0,25 | 0,13 | 0,63 | 0,00 | 0,74 | 16,08 | 4,09 | 0,16 | -2,39 | 10,92 | 15,37 | -4,44 |
| 0,00 | 0,25 | 0,73 | 0,01 | 0,25 | 0,13 | 0,62 | 0,01 | 0,76 | 15,95 | 4,06 | 0,16 | -2,46 | 10,57 | 15,28 | -4,71 |
| 0,00 | 0,25 | 0,68 | 0,06 | 0,25 | 0,13 | 0,59 | 0,03 | 0,80 | 15,84 | 4,05 | 0,17 | -2,45 | 10,47 | 15,85 | -5,37 |
| 0,00 | 0,25 | 0,50 | 0,25 | 0,25 | 0,13 | 0,50 | 0,13 | 0,95 | 15,54 | 4,05 | 0,18 | -2,37 | 10,44 | 18,19 | -7,75 |
| 0,00 | 0,25 | 0,62 | 0,12 | 0,25 | 0,13 | 0,56 | 0,06 | 0,85 | 15,72 | 4,04 | 0,17 | -2,45 | 10,36 | 16,52 | -6,17 |
| 0,00 | 0,25 | 0,56 | 0,18 | 0,25 | 0,13 | 0,53 | 0,09 | 0,90 | 15,59 | 4,03 | 0,17 | -2,44 | 10,24 | 17,20 | -6,96 |
| 0,12 | 0,12 | 0,50 | 0,25 | 0,31 | 0,06 | 0,50 | 0,13 | 1,08 | 14,22 | 3,87 | 0,15 | -1,90 | 10,05 | 15,52 | -5,47 |
| 0,00 | 0,25 | 0,43 | 0,31 | 0,25 | 0,13 | 0,47 | 0,16 | 1,01 | 15,31 | 4,01 | 0,18 | -2,43 | 9,99 | 18,67 | -8,68 |
| 0,06 | 0,18 | 0,56 | 0,18 | 0,28 | 0,09 | 0,53 | 0,09 | 0,97 | 14,86 | 3,94 | 0,16 | -2,22 | 9,97 | 15,76 | -5,80 |
| 0,12 | 0,12 | 0,62 | 0,12 | 0,31 | 0,06 | 0,56 | 0,06 | 0,99 | 14,39 | 3,87 | 0,15 | -1,98 | 9,97 | 13,86 | -3,89 |
| 0,00 | 0,25 | 0,25 | 0,50 | 0,25 | 0,13 | 0,38 | 0,25 | 1,15 | 15,00 | 4,00 | 0,19 | -2,35 | 9,96 | 21,01 | -11,05 |
| 0,03 | 0,25 | 0,67 | 0,04 | 0,27 | 0,13 | 0,59 | 0,02 | 0,85 | 15,63 | 3,99 | 0,16 | -2,52 | 9,92 | 15,03 | -5,12 |
| 0,00 | 0,25 | 0,37 | 0,37 | 0,25 | 0,13 | 0,44 | 0,19 | 1,06 | 15,18 | 4,00 | 0,18 | -2,43 | 9,88 | 19,35 | -9,47 |
| 0,03 | 0,25 | 0,65 | 0,06 | 0,27 | 0,13 | 0,58 | 0,03 | 0,86 | 15,59 | 3,98 | 0,16 | -2,52 | 9,88 | 15,26 | -5,38 |
| 0,12 | 0,12 | 0,56 | 0,18 | 0,31 | 0,06 | 0,53 | 0,09 | 1,04 | 14,26 | 3,86 | 0,15 | -1,98 | 9,85 | 14,53 | -4,68 |
| 0,04 | 0,25 | 0,70 | 0,00 | 0,27 | 0,13 | 0,60 | 0,00 | 0,83 | 15,63 | 3,97 | 0,16 | -2,55 | 9,79 | 14,38 | -4,59 |
| 0,00 | 0,25 | 0,31 | 0,43 | 0,25 | 0,13 | 0,41 | 0,22 | 1,11 | 15,05 | 3,98 | 0,18 | -2,42 | 9,76 | 20,02 | -10,26 |

¹ PNAS – peso ao nascimento; PDES – peso aos 205 dias; CE – perímetro escrotal aos 390 dias; MUSC – musculosidade aos 390 dias; GP – ganho de peso de 205 a 390 dias;

² Índice total – considera os efeitos aditivos e não-aditivos; Índice aditivo – considera somente os efeitos aditivos; Heterose – desvio do índice total e aditivo.

3. Fêmeas $\frac{1}{2}$ NxC

Na Tabela 3 encontram-se as composições raciais o 1% dos melhores touros Montana para fêmeas $\frac{1}{2}$ NxC, a composição racial da progênie resultante destes acasalamentos, e os valores agregados para os critérios de seleção avaliados.

A combinação dos tipos biológicos nos touros em acasalamentos com fêmeas $\frac{1}{2}$ NxC favorecem as composições de média a alta fração de B (25-75%) e média fração de A (12-25%), incluindo algumas composições com média fração de C (<50%). Dentre os top 1%, as heterozigoses totais dos filhos variaram de média a alta porcentagem (68-100%), com maior participação das heterozigoses NxB e BxC.

Os valores agregados para as características foram desfavoráveis para PNAS e GP, com médias de 1,18 e -1,94 kg, respectivamente, e favoráveis para PDES, CE e MUSC, com estimativas médias de 17,52 kg, 4,07 cm e 0,27 pontos.

O 1% dos melhores touros proporcionou aumento de 362%, em média, na progênie em relação aos demais touros Montana, que tiveram média de $2,96 \pm 3,69$. Valores positivos para os índices, total e considerando apenas os efeitos aditivos, e negativos para o desvio da heterose, são observados.

Tabela 4. Composições raciais de acordo com o sistema NABC, para os touros Montana, para sua progênie com fêmeas $\frac{1}{2}$ NxC, e os valores agregados da progênie para os critérios de seleção avaliados

| Composição racial | | | | | | | | Valores Agregados | | | | | | | |
|-------------------|------|------|------|----------|------|------|------|------------------------------|-------|------|------|--------|-------|---------|----------|
| Touros | | | | Progênie | | | | Características ¹ | | | | Índice | | | |
| N | A | B | C | N | A | B | C | PNAS | PDES | CE | MUSC | GP | Total | Aditivo | Heterose |
| 0,00 | 0,25 | 0,25 | 0,50 | 0,25 | 0,13 | 0,13 | 0,50 | 1,34 | 16,16 | 3,59 | 0,19 | -0,53 | 14,06 | 26,45 | -12,39 |
| 0,00 | 0,25 | 0,31 | 0,43 | 0,25 | 0,13 | 0,16 | 0,47 | 1,30 | 16,45 | 3,69 | 0,21 | -0,89 | 13,80 | 25,47 | -11,67 |
| 0,00 | 0,25 | 0,37 | 0,37 | 0,25 | 0,13 | 0,19 | 0,44 | 1,26 | 16,80 | 3,80 | 0,22 | -1,17 | 13,85 | 24,79 | -10,94 |
| 0,00 | 0,25 | 0,43 | 0,31 | 0,25 | 0,13 | 0,22 | 0,41 | 1,23 | 17,15 | 3,92 | 0,24 | -1,45 | 13,90 | 24,11 | -10,21 |
| 0,00 | 0,25 | 0,50 | 0,25 | 0,25 | 0,13 | 0,25 | 0,38 | 1,18 | 17,63 | 4,07 | 0,26 | -1,68 | 14,28 | 23,63 | -9,35 |
| 0,00 | 0,25 | 0,56 | 0,18 | 0,25 | 0,13 | 0,28 | 0,34 | 1,14 | 17,92 | 4,16 | 0,28 | -2,05 | 14,02 | 22,64 | -8,63 |
| 0,00 | 0,25 | 0,62 | 0,12 | 0,25 | 0,13 | 0,31 | 0,31 | 1,10 | 18,27 | 4,28 | 0,30 | -2,32 | 14,07 | 21,97 | -7,90 |
| 0,00 | 0,25 | 0,68 | 0,06 | 0,25 | 0,13 | 0,34 | 0,28 | 1,06 | 18,62 | 4,39 | 0,32 | -2,60 | 14,12 | 21,29 | -7,17 |
| 0,00 | 0,25 | 0,73 | 0,01 | 0,25 | 0,13 | 0,37 | 0,26 | 1,03 | 18,91 | 4,49 | 0,33 | -2,83 | 14,16 | 20,73 | -6,56 |
| 0,00 | 0,25 | 0,75 | 0,00 | 0,25 | 0,13 | 0,38 | 0,25 | 1,01 | 19,10 | 4,54 | 0,34 | -2,83 | 14,50 | 20,81 | -6,31 |
| 0,03 | 0,25 | 0,54 | 0,17 | 0,27 | 0,13 | 0,27 | 0,34 | 1,18 | 17,70 | 4,10 | 0,28 | -2,30 | 13,07 | 21,94 | -8,87 |
| 0,03 | 0,25 | 0,65 | 0,06 | 0,27 | 0,13 | 0,33 | 0,28 | 1,11 | 18,35 | 4,31 | 0,31 | -2,80 | 13,16 | 20,70 | -7,54 |
| 0,03 | 0,25 | 0,67 | 0,04 | 0,27 | 0,13 | 0,34 | 0,27 | 1,09 | 18,47 | 4,35 | 0,32 | -2,90 | 13,18 | 20,47 | -7,29 |
| 0,06 | 0,18 | 0,56 | 0,18 | 0,28 | 0,09 | 0,28 | 0,34 | 1,19 | 17,35 | 4,08 | 0,27 | -2,04 | 13,39 | 21,21 | -7,81 |
| 0,12 | 0,12 | 0,25 | 0,50 | 0,31 | 0,06 | 0,13 | 0,50 | 1,43 | 15,13 | 3,44 | 0,18 | -0,53 | 12,92 | 23,78 | -10,86 |
| 0,12 | 0,12 | 0,50 | 0,25 | 0,31 | 0,06 | 0,25 | 0,38 | 1,27 | 16,60 | 3,92 | 0,25 | -1,68 | 13,14 | 20,96 | -7,82 |
| 0,12 | 0,12 | 0,62 | 0,12 | 0,31 | 0,06 | 0,31 | 0,31 | 1,19 | 17,24 | 4,13 | 0,29 | -2,33 | 12,92 | 19,30 | -6,38 |

¹ PNAS – peso ao nascimento; PDES – peso aos 205 dias; CE – perímetro escrotal aos 390 dias; MUSC – musculosidade aos 390 dias; GP – ganho de peso de 205 a 390 dias;

² Índice total – considera os efeitos aditivos e não-aditivos; Índice aditivo – considera somente os efeitos aditivos; Heterose – desvio do índice total e aditivo.

DISCUSSÃO

Para fêmeas F1, de modo geral, a utilização de touros com média a alta fração de B, e média fração de A é benéfica e gera filhos com coeficientes de heterozigoses totais que variam de média à alta magnitude, com maior participação da heterozigose NxB e, em menor importância, das heterozigoses AxB e BxC.

Os valores agregados para as características PDES, PE e MUSC apresentaram valores favoráveis para todos os grupos genéticos de vacas avaliados. Para a característica PNAS os valores agregados são desfavoráveis, porém de pequena magnitude.

A contribuição aditiva materna de N favorece menor PNAS, no entanto, o efeito materno dos demais tipos biológicos é desfavorável. É importante observar que os efeitos aditivos diretos para todos os tipos biológicos são negativos, o que indica que a seleção é favorável para a característica.

Quanto ao ganho de peso os valores agregados foram desfavoráveis para os grupos de vacas F1, NxB e NxC, pois os efeitos maternos aditivos dos tipos biológicos B e C, e os efeitos não-aditivos estimados são negativos.

A partir das combinações existentes de touros Montana, o procedimento adotado para identificar as composições mais adequadas de touros, para os grupos genéticos de vacas F1, foi eficaz, e favoreceram o índice com valor no mínimo de 194% em relação à média

Para o critério de seleção estabelecido, algumas combinações de tipos biológicos nos melhores touros superiores foram coincidentes. No total de 17 composições diferentes, 11 (65%) aparecem no *top* dos três grupos genéticos de vacas avaliados. Estes touros seriam selecionados quanto à composição NABC em quaisquer sistemas de produção de fêmeas F1 avaliado e, indicam alta capacidade de combinação destas composições.

Para os sistemas de produção que utilizam fêmeas $\frac{1}{2}$ NxB e $\frac{1}{2}$ NxC, o grau de coincidência aumenta para 88%, ou seja, 15 das 17 melhores combinações raciais de touros, seriam selecionadas para ambos os sistemas.

Ressalta-se que os valores agregados das características e índices são consequência das estimativas dos efeitos aditivos e não-aditivos utilizados, assim como dos pesos dados as características no índice. Alteração nestes efeitos na população, e modificação nos critérios de seleção, implicam em mudanças na composição racial pelo sistema NABC dos melhores touros.

CONCLUSÕES

A metodologia utilizada para a determinação da composição racial ótima mostrou-se de fácil implementação e sensível às particularidades dos diferentes tipos biológicos simulados. Estudos adicionais, não somente para implementar o procedimento proposto, mas que avaliem outros grupos genéticos de fêmeas de interesse, em diferentes sistemas de produção, e incluindo além do componente racial, na identificação dos melhores touros, efeitos genéticos e de ambiente, são necessários para a orientação de sistemas de produção de bovinos de corte que utilizam compostos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALENDIA, R.; 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**, v. 53, n. 2, p.347-353, 1981.
- FERRAZ, J. B. S., ELER, J. P. Avaliação genética do composto Montana Tropical. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v. 23, n. 2, p. 111-113, 1999.
- FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P. Desenvolvimento de Bovinos de Corte Compostos no Brasil: O Desafio do Projeto Montana Tropical. IN: III SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL. 2000. **Anais ...2000**. Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal [2000] (CD-ROM).
- KINGHORN, B. P. A model for the optimization of genetic improvement by the introduction of novel breeds into a native population. **Z. Tierz. Zuechtungsbiol.**, v. 97, p. 95-100, 1980.
- LIN, C. Y. Technical note: Optimization of breed composition to maximize net merit of synthetic populations. **Journal of Animal Science**, v. 74, n.7, p.1477-1480, 1996.
- MOURAO, G. B. **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, SP: FZEA, 2005. 109 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos/ Universidade de São Paulo, 2005.

CAPÍTULO III

Efeito da inclusão da epistasia em modelo de avaliação genética de bovinos de corte compostos

RESUMO - Dados de bovinos compostos foram analisados para avaliar o efeito da epistasia nos modelos de avaliação genética. As características analisadas foram os pesos aos 205 (P205) e 390 dias (P390), e perímetro escrotal aos 390 dias (PE390). As análises foram realizadas pela metodologia de máxima verossimilhança considerando-se dois modelos: o modelo 1 incluiu como covariáveis os efeitos aditivos diretos e maternos, e os não-aditivos das heterozigoses para os efeitos diretos e para o materno total, e o modelo 2, que considerou também o efeito direto de epistasia. Para comparação dos modelos foram utilizados o Critério de Informação de Akaike (AIC), o critério de informação Bayesiano de Schwartz (BIC), e o teste de razão de verossimilhança. Os dados foram ainda ajustados para os efeitos não-aditivos estimados, e submetidos à análise para obtenção de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos. A inclusão da epistasia no modelo de avaliação genética pouco alterou as estimativas de componentes de (co)variâncias genética aditivas e, conseqüentemente, as herdabilidades. O teste de verossimilhança e o critério de Akaike sugerem que o modelo 2, que inclui a epistasia apresentou maior aderência aos dados para todas as características analisadas. O critério BIC indica este modelo como o melhor apenas para P205. Para análise genética desta população o modelo que considera o efeito de epistasia é o mais adequado.

CHAPTER III

Effect of the inclusion of epistasis on the genetic evaluation model of beef cattle composite

ABSTRACT – Composite bovine data were analyzed with the objective of evaluating the effect of epistasis parameter in the models of genetic evaluation. The analyzed characteristics were weight at 205 (W205) and 390 days (P390), and scrotal circumference at 390 days (SC390). The analyzes were made by the maximum likelihood method, considering two models: the model 1 which included as covariates the direct and maternal additive effects, and non additive of the heterozygosis for the direct and total maternal, and the model 2, which also considered the direct epistasis direct. The Akaike Information Criteria (AIC) and the Bayesian of Schwartz Information Criteria (BIC) were used for the comparison of the models and the test of ratio of likelihood. The data were adjusted for the non additive effects estimated, and submitted to the analysis for the obtainment of the covariance and genetic parameters. The inclusion of the epistasis effects on the model of the genetic evaluation did not alter much the estimation of the genetic additive (co)variances components and, consequently the heritability. However, it was significantly superior by the likelihood ratio test for the studied characteristics. By the BIC, the model 2, was more adequate, only for W205. For the genetic analysis of that population the model that considers the epistasis is the more adequate.

INTRODUÇÃO

Aumento considerável na produção de bovinos de corte por meio do melhoramento genético tem sido alcançado por seleção, cruzamento e pela combinação de ambos, entretanto os modelos usados em avaliações genéticas e programas de melhoramento de animais cruzados e compostos consideram apenas efeitos aditivos e de dominância.

Justificativa para o uso de modelos aditivo-dominante a fim de medir o desempenho esperado em populações de animais cruzados baseia-se na pressuposição que a heterose é principalmente atribuído aos efeitos de dominância.

Estudos desenvolvidos por Gregory et al. (1991) sugerem que a retenção de heterose é linearmente proporcional a heterozigose. Dickerson (1973) propôs a utilização do termo "perdas por recombinação", que seriam proporcionais aos desvios de linearidade entre a heterose e a heterozigose.

A relação de proporcionalidade linear entre heterose e heterozigose também foi observada por Arthur et al. (1999) e Fries et al. (2000). No entanto, estes autores recomendaram que, a adição dos efeitos de epistasia, aos programas de avaliação genética, pode melhorar as estimativas dos valores genéticos dos dados multirraciais ou de cruzamentos e, que os efeitos epistáticos são importantes na constituição do genótipo animal.

Apesar de estarem fortemente associados aos componentes aditivos e de dominância, o que dificulta sua estimação, existem evidências de efeitos epistáticos sobre características de produção, em cruzamentos de *Bos indicus* e *Bos taurus*. Este fato justifica a sistemática adição e testes de componentes epistáticos aos modelos operacionais, para populações multirraciais ou oriundas de cruzamentos avançados.

O objetivo deste trabalho foi avaliar a inclusão do efeito de epistasia em modelos de avaliação genética para características de peso e perímetro escrotal numa população de bovinos de corte compostos.

MATERIAL E MÉTODOS

Dados de peso ao desmame (P205) e aos 390 dias (P390), e perímetro escrotal aos 390 dias (CE390) de bovinos compostos Montana Tropical[®], relativos a animais nascidos no período de 1994 a 2004, foram analisados.

Os animais foram agrupados pela composição em tipos biológicos, N (*Bos indicus*, zebuínos), A (*Bos taurus*, taurinos adaptados às condições tropicais), B (*Bos taurus*, taurinos de origem britânica) e C (*Bos taurus*, taurinos de origem continental), segundo suas semelhanças de tipo, função, fisiologia, aspectos de crescimento e reprodução.

Os dados foram analisados, por meio da metodologia da máxima verossimilhança, utilizando-se o procedimento MIXED do software SAS (*Statistical Analysis System*, 1999). Dois modelos foram empregados que diferiam quanto aos efeitos genéticos considerados: o modelo 1 incluiu como covariáveis os efeitos aditivos diretos e maternos, e os não-aditivos das heterozigoses para os efeitos diretos e para o materno total, e modelo 2, que considerou todos os efeitos do modelo acrescido do efeito de epistasia direto. Os efeitos ambientais incluídos nos modelos foram grupo contemporâneo e classe de idade da mãe ao parto. Os grupos de contemporâneos foram definidos como animais de mesmo sexo, nascidos na mesma safra e fazenda, e criados no mesmo grupo de manejo.

Os efeitos de heterose direta e materna foram obtidos a partir das heterozigoses diretas, calculadas segundo a fórmula, $h_{ik} = \sum_{i \neq j} r_i r_j$, sendo r a porcentagem de contribuição do tipo biológico baseado no sistema NABC para pai i e mãe j.

As heterozigoses diretas foram consideradas: Nx A = porcentagem de cruzamento de raças do tipo biológico N e A existente na composição racial do animal; Nx B = porcentagem de cruzamento de raças do tipo biológico N e B existente na composição racial do animal; Nx C = porcentagem de cruzamento de raças do tipo biológico N e C existente na composição racial do

animal; $A \times B$ = porcentagem de cruzamento de raças do tipo biológico A e B existente na composição racial do animal; $A \times C$ = porcentagem de cruzamento de raças do tipo biológico A e C existente na composição racial do animal; $B \times C$ = porcentagem do cruzamento de raças do tipo biológico B e C existente na composição racial do animal. A heterozigose materna total (MT) foi expressa como a soma das heterozigosas parciais, como obtida acima, porém sendo calculado um valor total para a mãe do animal.

Quanto ao efeito de epistasia, foi incluso o coeficiente proposto por Dickerson (1973), segundo Koch (1985), $r^i = 2(1 - \sum f_i^2) - hz^i$, em que f_i proporção de cada raça no indivíduo e, hz^i heterozigose do indivíduo.

A comparação dos modelos foi feita pelo Critério de Informação de Akaike (AIC), o critério de informação Bayesiano de Schwartz (BIC), e o teste de razão de verossimilhança foram aplicados aos modelos.

A estimativa da estatística do teste da razão de verossimilhança (LR) (Rao, 1973) foi comparada com o valor obtido pela distribuição de Qui-quadrado (X^2), com 1 grau de liberdade e nível de significância fixo de 5%. Para AIC e BIC, o valor para comparação é obtido conforme a seguir: $AIC = -2\ln L + 2p$ e $BIC = -2\ln L + p\ln(N-r)$, em que: p refere-se ao número de parâmetros do modelo; N, ao número total de informações; e r, ao posto da matriz X, matriz de incidência dos efeitos fixos. Menores valores de AIC e BIC indicam modelos mais adequados.

Os dados foram submetidos ao pré-ajuste para os efeitos não-aditivos estimados, conforme recomendações de Mourão (2005). Estimativas de componentes de (co)variâncias e de parâmetros genéticos foram obtidas pelo procedimento de máxima verossimilhança restrita usando um algoritmo livre de derivadas, sob um modelo animal, que considerou como efeitos aleatórios, aditivo direto e materno e residual e, para P205, também o efeito permanente de meio materno, utilizando-se o programa MTDFREML (Boldman et al., 1995), e comparadas com as análises univariadas para as características em estudo realizadas por Mourão (2005).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estatísticas descritivas dos dados para P205, P390 e PE390, é apresentada na Tabela 1. Médias, desvio-padrão e coeficientes de variação das características são similares às reportadas na literatura (Eler et al., 2000, Mourão, 2007).

Tabela 1. Número de observações (N), média geral, desvio-padrão (DP) e coeficiente de variação (CV em %) obtidos para as características em estudo

| Parâmetro | P205 (Kg) | P390 (Kg) | PE390 (cm) |
|-----------|-----------|-----------|------------|
| N | 118.266 | 58.006 | 25.849 |
| Média | 191,59 | 272,68 | 28,28 |
| DP | 31,43 | 50,07 | 3,86 |
| CV (%) | 11,52 | 9,46 | 10,52 |

Os valores do logaritmo natural da função de verossimilhança ($\ln L$) para os modelos, em cada característica, os valores da razão de verossimilhança (LR), e dos critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano (BIC) são apresentados na Tabela 2.

A inclusão do efeito de epistasia no modelo, provocou reduções significativas para P205 ($P < 0,01$), P390 e CE390 ($P < 0,05$) no logaritmo natural da função de verossimilhança, conforme teste da razão de verossimilhança que indica superioridade do modelo 2 em relação ao 1. Demeke et al. (2003b), ao testar modelos diferentes quanto a quantificação dos efeitos não-aditivos, também verificaram que os modelos que consideraram os efeitos epistáticos apresentaram maior aderência aos dados em relação aos modelos de dominância. Entre os modelos epistáticos, o modelo de Dickerson apresentou melhor R^2 , em relação aos demais.

Tabela 2. Valores do logaritmo natural das funções de verossimilhança ($\ln L$), critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiano de Schwartz (BIC), para modelos sem e com a inclusão do efeito de epistasia, e teste da razão de verossimilhança (LR)

| | P205 | | P390 | | CE390 | |
|---------|-------------------------------|-----------|-------------------|------------|-------------------|-----------|
| | 1 | 2 | 1 | 2 | 1 | 2 |
| $\ln L$ | -532.118 | -532.092 | -268.771,3 | -268.769,4 | -63.899,9 | -63.897,7 |
| | LR = 52 (P<0.01) ¹ | | LR = 3,8 (P<0.05) | | LR = 4,4 (P<0.05) | |
| AIC | 1.071.016 | 1.070.966 | 545.628,6 | 545.626,8 | 131.523,8 | 131.521,4 |
| BIC | 1.103.834 | 1.103.793 | 581.887,4 | 581.894,6 | 146.717,8 | 146.723,6 |

¹ LR para modelo sem e com epistasia

Kahi et al. (2000) compararam quatro modelos genéticos: modelo dominante, modelo que consideraram os efeitos de recombinação (ou epistasia), Dickerson e Kinghorn, e um modelo que considerou os efeitos de dominância e interações aditiva x aditiva, na estimação de efeitos aditivos e não aditivos de uma população de bovinos compostos do Kenya. O modelo de Dickerson foi o mais adequado para analisar a referida população.

Para todas as características em estudo, a covariância residual estimada pelos modelos foi menor no modelo 2 (informação não apresentada).

Segundo os critérios de AIC e BIC, um modelo é mais apropriado quanto menor são essas estatísticas. Assim, pelo critério de Akaike (AIC), o modelo que proporcionou melhor aderência aos dados foi o que incluiu o efeito de epistasia (modelo 2), para todas as características. No entanto, pelo critério de informação Bayesiano (BIC), o modelo 2 apresentou maior aderência, somente para P205. Vale ressaltar que ambos, AIC e BIC penalizam modelos com maior número de parâmetros. Entretanto, para BIC, esta penalidade é mais rigorosa, e favorece modelos mais parcimoniosos (Nunez-Antón & Zimmerman, 2000).

Os componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos estimados quando os dados foram ajustados para os efeitos não-aditivos dos modelos 1 (heterozigoses diretas e heterozigose materna total) e 2 (heterozigoses diretas, heterozigose materna total e epistasia direta) estão na Tabela 3.

Ao comparar os modelos, as estimativas de componentes de (co)variâncias tiveram comportamento similar, e as magnitudes não diferiram.

Para P205 e P390, os componentes de variâncias genéticas, aditiva direta e materna foram menores quando estimadas pelo modelo 2, e a covariância genética direta e materna foi negativa para todos os modelos e características em estudo.

Tabela 3. Estimativas de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos obtidos a partir dos modelos 1 e 2, para as características peso aos 205 e 390 dias, e perímetro escrotal aos 390 dias ajustadas para os efeitos não aditivos

| Modelo | Componentes de (co)variâncias ¹ | | | | | | Parâmetros genéticos | | | | |
|--|--|---------------|--------------|--------------|--------------|--------------|----------------------|----------------|---------------|-----------|-------------|
| | σ_a^2 | σ_{am} | σ_m^2 | σ_c^2 | σ_e^2 | σ_p^2 | \hat{h}_a^2 | \hat{r}_{am} | \hat{h}_m^2 | \hat{c} | \hat{e}^2 |
| Peso aos 205 dias (P205) | | | | | | | | | | | |
| 1 | 139,614 | -70,257 | 119,163 | 36,714 | 302,450 | 527,685 | 0,26 | -0,54 | 0,23 | 0,070 | 0,57 |
| 2 | 130,200 | -63,798 | 114,172 | 37,511 | 307,207 | 525,291 | 0,25 | -0,52 | 0,22 | 0,071 | 0,58 |
| Peso aos 390 dias (P390) | | | | | | | | | | | |
| 1 | 153,251 | -32,941 | 82,733 | | 505,131 | 708,174 | 0,22 | -0,29 | 0,12 | | 0,71 |
| 2 | 151,386 | -27,534 | 77,566 | | 506,337 | 707,756 | 0,21 | -0,25 | 0,11 | | 0,72 |
| Perímetro escrotal aos 390 dias (PE390) | | | | | | | | | | | |
| 1 | 1,561 | -0,223 | 0,701 | | 7,119 | 9,157 | 0,17 | -0,21 | 0,08 | | 0,78 |
| 2 | 1,570 | -0,306 | 0,773 | | 7,124 | 9,161 | 0,17 | -0,28 | 0,08 | | 0,78 |

¹ σ_a^2 =variância genética aditiva direta; σ_{am} =covariância genética direta e materna; σ_m^2 =variância genética aditiva materna, σ_c^2 =variância do efeito permanente de meio; σ_e^2 =variância residual; σ_p^2 =variância fenotípica; \hat{h}_a^2 =herdabilidade direta; \hat{r}_{am} =correlação aditiva-materna; \hat{h}_m^2 =herdabilidade materna; \hat{c} =proporção do efeito permanente de meio; \hat{e}^2 =proporção do efeito residual.

As diferenças observadas para os componentes de (co)variância foram pequenas, constatadas nas estimativas de herdabilidade que diferiram em 0,01 para P205 e P390, e não diferiram para PE390 entre os modelos.

As estimativas de herdabilidade direta obtidas para P205 foram 0,26 e 0,25, e materna 0,23 e 0,22, respectivamente para os modelos 1 e 2. O componente de variância para o efeito permanente de meio foi 0,07 para ambos modelos. Para P390 as herdabilidades diretas foram 0,22 e 0,21, e maternas de 0,12 e 0,11, para os modelos 1 e 2, respectivamente.

As estimativas de herdabilidades direta encontradas neste estudo para características de pesos foram maiores que as encontradas por Demeke et al (2003a) para uma população multirracial na Etiópia, que obtiveram estimativas de 0,09 e 0,12, para os pesos a desmama e aos 12 meses. Gregory et al. (1995) relataram maiores herdabilidades, com estimativas de 0,21 e 0,38 para peso aos 200 dias; de 0,31 e 0,43 para peso aos 368 dias e, de 0,24 e 0,40 para peso aos 410 dias, em animais compostos e cruzados, respectivamente.

Estimativas de herdabilidades semelhantes foram obtidas por Mourão (2005), ao trabalhar com a mesma população de bovinos compostos.

Em geral, as estimativas encontradas neste estudo estão dentro da variação apresentada na literatura para as características.

CONCLUSÕES

O uso de modelos mais simples para avaliação de bovinos compostos podem erroneamente identificar a contribuição dos efeitos aditivos e não-aditivos como efeito de heterose. Modelos que incluam os efeitos de epistasia são mais adequados para análise de populações multirraciais.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARTHUR, P. F.; HEARSHAW, H.; STEPHENSON, P. D. Direct and maternal additive and heterosis effect from crossing *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle: Cow and calf performance in two environments. **Livestock Production Science**, v. 57, p.231–241, 1999.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. 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. 125p.
- DEMEKE, S., NESER, F. W. C.; SCHOEMAN, S. J. Early growth performance of *Bos taurus* × *Bos indicus* cattle crosses in Ethiopia: Evaluation of different crossbreeding models. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 120, p.39–50, 2003a.
- DEMEKE, S., NESER, 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**, v. 84, n.1, p. 11-21, 2003b.
- 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**, 54-77, 1973.
- ELER, J. P., FERRAZ, J. B. S., GOLDEN, B. L. *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**, vol.29, no.6, p.1642-1648, 2000.
- FRIES, L. A.; JOHNSTON, D. J.; HEARNSHAW, H. et al. Evidence of epistatic effects on weaning weight in crossbreed beef cattle. **Asian-Australian Journal of Animal Science**, v. 13, supl. B, p. 242, 2000.
- GREGORY, K.E.; LUNSTRA, D.D.; CUNDIFF, L.V. et al. Breed effects and heterosis in advanced generations of composite populations for puberty and scrotal traits of beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 69, n.7, p.2795-2807, 1991.
- 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**, v. 73, p.1920-1926.1995.
- KAHI, A. K.; THORPE, W.; NITTER, G. et al. Crossbreeding for dairy production in the lowland tropics of Kenya: I. Estimation of individual crossbreeding effects on milk production reproductive traits and on cow live weight. **Livestock Production Science**, v. 63, p. 39–54, 2000.
- KOCH, R. M.; DICKERSON, G. E.; CUNDIFF, L. V. et al. Heterosis retained in advanced generations of crosses among Angus and Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, v. 60, p. 1117–1132, 1985.
- MOURÃO, G. B.; FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P. et al. Efeitos genéticos sobre pesos e desempenho de bovinos de corte compostos (*Bos taurus* x *Bos indicus*). **Revista Brasileira de Zootecnia**, Prelo, 2007.
- MOURAO, G. B. **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, SP: FZEA, 2005. 109 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos/ Universidade de São Paulo, 2005.
- NUNEZ-ANTÓN, V.N.; ZIMMERMAN, D.L. Modelling nonstationary longitudinal data. **Biometrics**, v.56, p.699-705, 2000.
- RAO, C.R. **Linear statistical inference and its applications**. 2.ed. New York: John Wiley & Sons. p.417-420, 1973.
- STATISTICAL ANALYSES SYSTEM - SAS. **SAS/STAT user'guide**, version 8.0 ed. Cary: 1999. v.1, 943p.

CAPÍTULO IV

Métodos de estimação de efeitos genéticos não aditivos para características de peso e perímetro escrotal em bovinos de corte compostos

RESUMO - Com o objetivo de avaliar a contribuição dos efeitos genéticos não-aditivos, estimados pelo procedimento GLM do SAS e programa MTDFREML, e investigar se dados devem ser pré-ajustados para os efeitos não-aditivos ou, alternativamente se esses efeitos devem ser incluídos no modelo de avaliação genética como covariáveis. Foram utilizados informações de pesos aos 205 e 390 dias, e do perímetro escrotal, de bovinos compostos. O modelo que incluiu os efeitos genéticos aditivos, direto e materno, e os não-aditivos das heterozigoses diretas, e materna total, e a epistasia, foi utilizado, com os dados ajustados para as soluções de efeitos não-aditivos. Valores genéticos foram preditos utilizando-se o programa MTDFREML, para os dados ajustados, e não-ajustados, considerando os efeitos não-aditivos como covariáveis no modelo. Os valores genéticos dos tourinhos safra 2004 e dos touros classificados em TA, com 300 ou mais filhos mensurados; TM, com menos de 300 e mais de 39 filhos; e TB com menos de 40 filhos, para a característica peso aos 205 dias, foram organizados em arquivos, com a finalidade de verificar alterações na magnitude das predições e no ordenamento dos animais, quanto aos dois métodos de correção para os efeitos não-aditivos, por meio das correlações de Pearson e Spearman. Não foi observado comportamento similar para as estimativas obtidas pelos dois métodos, para as características avaliadas. Correlações de Pearson e Spearman entre os valores genéticos para o peso aos 205 dias, obtidos pelos diferentes métodos de correção dos dados para os efeitos não-aditivos foram maiores do que 0,94.

CHAPTER IV

Estimation methods of non additive effects for characteristics of weight and scrotal circumference in beef cattle composite

ABSTRACT – The aim of this work was to evaluate the contribution of the non-additive effects, when estimated by using the GLM procedure of SAS and the MTDFREML program, and investigate if the data have to be preadjusted for the non additive effects or those effects can be included in the model of genetic evaluation as covariate, information of weight at 205 and 390 days, and the scrotal circumference of composite beef cattle were used. The model that included the additive genetic effects, direct and maternal, and the nonadditives of the direct heterozygosis and total maternal, and epistasis was used, being the data adjusted for the solutions of non additives obtained. Genetic values were predicted by using the MTDFREML program, for the adjusted and non adjusted data, considering the nonadditive effects as covariates in the model. The genetic values of the steers (2004) and the sires classified in TA, with 300 or more measured sons; TM, with less than 300 and more than 39 sons, and TB with less than 40 sons, for the weight characteristic at 205 days were catalogued to verify alterations in the magnitude of predictions and in the milking of the animals in relation with the two methods of correction for the non-additive effects by Pearson and Spearman correlations. It was not observed similar profile for the estimations obtained by both methods, nor for the evaluated characteristics. Pearson and Spearman correlations among the genetic values for the weight at 205 days obtained by different correction methods of the data for the non additive effects were superior than 0.94.

INTRODUÇÃO

O aumento da competitividade é uma realidade na pecuária de corte brasileira. Neste contexto, quando aliado à seleção, os cruzamentos têm sido um dos meios mais eficazes para incrementar a produtividade.

O maior desempenho dos animais cruzados em relação à média da contribuição parental de raças puras, principalmente em condições tropicais de escassez de alimento de qualidade e presença de endo e ectoparasitas, decorre da heterose e da complementaridade de raças.

O conhecimento dos efeitos genéticos aditivos, diretos e maternos raciais, e não aditivos, heterose e epistasia, são condições primárias e essenciais ao planejamento e continuidade de programas de cruzamentos, e permite identificar a combinação ótima entre a diversidade genética racial e o número de raças disponíveis (Abdel-Aziz, 2003).

Os modelos utilizados para analisar dados de animais cruzados usualmente contemplam três principais parâmetros genéticos: efeitos aditivos (puros), efeitos de dominância (heterozigose racial) e efeitos epistáticos.

Para incrementar a eficiência de seleção em populações de animais cruzados, as características devem ser adequadamente ajustadas para os efeitos de heterose.

Procedimentos adotados para identificar e quantificar tais efeitos são baseados principalmente em funções de regressões lineares simples ou múltiplas (Dillard et al., 1980; Skrypzeck et al., 2000).

Os efeitos não-aditivos podem ser estimados previamente, e os dados serem submetidos à avaliação genética depois de ajustados para estes efeitos. Alternativamente os efeitos não-aditivos podem ser incluídos como covariáveis no modelo de análise. Em ambos os procedimentos, a população composta e ou de animais cruzados, é analisada como raça pura.

Rodriguez-Almeida et al. (1997) utilizaram modelo animal e incluíram, além das proporções de heterose individual e materna, as composições raciais como covariáveis.

O objetivo do presente estudo foi avaliar a contribuição dos efeitos genéticos não-aditivos, em população de bovinos compostos, em análises que utilizaram o procedimento GLM do SAS e o software MTDFREML. Avaliou-se também a necessidade de pré-ajustar os dados para os efeitos não-aditivos ou, de incluí-los no modelo como covariáveis, para avaliação genética dos animais compostos.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados foram obtidos do projeto Montana Tropical[®], conduzido desde 1994, em fazendas de nove regiões do país. O projeto atualmente envolve aproximadamente 33 raças (Ferraz e Eler, 2000), e propõe o agrupamento dos animais em tipos biológicos, de acordo com suas semelhanças de tipo, função, fisiologia, aspectos de crescimento e reprodução.

Segundo Ferraz et al. (1999), os tipos biológicos ou grupos propostos são: **Grupo N**: animais *Bos taurus indicus*, incluindo-se as raças já adaptados no Brasil, como a Gir, Guzerá, Indubrasil, Nelore, Tabapuã e outros zebuínos de origem africana, como o Boran; **Grupo 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; **Grupo B**: animais *Bos taurus taurus* de origem britânica, como as raças Aberdeen Angus, Devon, Hereford, Red Angus, Red Poll, South Devon, etc., com predominância das raças Red Angus e South Devon; **Grupo C**: animais *Bos taurus taurus* de origem na Europa continental, incluindo as raças Charolesa, Gelbvieh, Limousin, Pardo-Suíço, Simental, etc.

As características estudadas foram o peso aos 205 dias (P205), peso aos 390 dias (P390) e o perímetro escrotal aos 390 dias (CE390). Bueno et al. (2007) investigaram a utilização de dois modelos na avaliação genética desta população. O modelo genético que incluiu os efeitos genéticos aditivos diretos e maternos, e os não-aditivos das heterozigoses diretas e materna total, e a epistasia, computada pela perda por recombinação (Dickerson, 1973), apresentou maior aderência aos dados, sendo utilizado na estimação dos efeitos não-aditivos reportados neste estudo.

O modelo completo utilizado nas análises é descrito a seguir:

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

Em que:

y_{ijk} é o valor fenotípico do animal k ajustado para a idade à mensuração;

μ é constante inerente a cada característica;

CG_i é o efeito fixo do grupo de contemporâneos i;

$CIMP_j$ é o efeito fixo de classe de idade da mãe ao parto j (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 dos tipos biológicos, expressos como desvio 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 dos tipos biológicos, expressos como desvio do tipo biológico N;

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

h_T^m é o coeficiente de regressão da heterozigose materna total;

r_T^d é o coeficiente de regressão da perda por recombinação total;

e_{ijk} é o efeito residual;

As análises para cada característica foram realizadas utilizando o procedimento GLM do pacote estatístico *Statistical Analysis System* (SAS, 1999).

Os dados foram submetidos a ajuste para as estimativas de efeitos não-aditivos obtidas, conforme recomendações de Mourão (2005), para posterior análise de predição dos valores genético dos animais.

O modelo utilizado considerou os efeitos fixos de grupo de contemporâneo, que considerou a safra de nascimento, o sexo do bezerro, a fazenda e o grupo de manejo do animal, e a classe de idade da vaca ao parto e, como aleatórios, os efeitos aditivos, direto e materno, e para P205, também foi considerado o efeito permanente de meio materno.

A predição dos valores genéticos foi obtida pelo procedimento de máxima verossimilhança restrita (REML), utilizando o programa MTDFREML (Boldman et al., 1995).

Os dados, não-ajustados, foram também analisados. Contudo, os efeitos das heterozigoses direta e materna total, e de epistasia foram incluídos no modelo como covariáveis, com o intuito de obter as soluções dos efeitos fixos, covariáveis, e dos valores genéticos preditos dos animais.

Os touros foram classificados em três grupos, de acordo, com o número de filhos para as características estudadas peso aos 205 e 390 dias: Touros TA, com 300 ou mais filhos mensurados; Touros TM, com menos de 300 e mais de 39 filhos; e Touros TB com menos de 40 filhos.

Os valores genéticos preditos dos tourinhos da safra 2004 e dos touros nos grupos TA, TM e TB para a característica peso aos 205 dias, foram organizados em arquivos, com a finalidade de verificar possíveis alterações na magnitude das predições dos valores genéticos e no ordenamento dos animais com base nos resultados dos diferentes modelos avaliados. Foram também estimadas as correlações de Pearson e Spearman, empregando-se o pacote estatístico *Statistical Analysis System* (SAS, 1999).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas dos efeitos de heterozigoses diretas e materna total, e da recombinação, obtidas pelo procedimento GLM do pacote estatístico SAS, e pelo programa MTDFREML, métodos de estimação 1 (ajustado) e 2 (não ajustado), respectivamente, são apresentadas na Tabela 1.

Tabela 1. Estimativas dos efeitos não-aditivos, heterozigoses diretas e materna, e recombinação, obtidas pelos métodos de estimação 1 (M1) e 2 (M2), para as características pesos aos 205 (P205), e aos 390 dias (P390) e perímetro escrotal aos 390 dias (PE390)

| Efeitos não- aditivos ¹ | P205 | | P390 | | PE390 | |
|---------------------------------------|------|------|------|-------|-------|------|
| | M1 | M2 | M1 | M2 | M1 | M2 |
| NXA | 1,7 | 12,3 | 3,6 | 12,8 | 0,8 | -1,5 |
| NXB | 7,8 | 13,6 | 16,6 | 17,3 | 1,6 | -0,6 |
| NXC | 12,8 | 18,3 | 7,4 | 19,8 | 2,5 | -0,9 |
| AXB | 6,0 | 9,5 | 7,3 | 8,8 | 0,2 | 0,5 |
| AXC | 4,3 | 13,4 | -4,4 | 11,3 | 0,6 | 0,4 |
| BXC | 2,9 | 7,7 | -4,2 | 9,8 | 1,3 | 1,5 |
| MT | 4,5 | 3,4 | 2,0 | 1,7 | -0,1 | 0,0 |
| R | -5,4 | -0,4 | -3,1 | -11,4 | 0,6 | -0,8 |

¹NxA- heterozigose entre os tipos biológico N e A; NxB- heterozigose entre os tipos biológico N e B; NxC- heterozigose entre os tipos biológico N e C; AxB - heterozigose entre os tipos biológico A e B; AxC - heterozigose entre os tipos biológico A e C; BxC - heterozigose entre os tipos biológico B e C; MT-heterose materna total; R- epistasia; expressos em 100%.

Não houve comportamento similar para as estimativas obtidas pelos dois métodos, nem para as características avaliadas. Para P205 e P390 maiores estimativas foram obtidas pelo método 2, exceto para as heterozigoses materna total, que foram ligeiramente menores. O efeito de recombinação foi negativo para ambos os pesos, 205 e 390 dias, o que

indica perdas por recombinação gênica que ocorreram em detrimento dos ganhos em heterozigotes, fenômeno este esperado em populações de animais compostos.

Para PE390 os efeitos das heterozigotes diretas foram positivos por ambos os métodos, exceto as heterozigotes em que o grupo N está inserido, para o método 2. O efeito da heterose materna foi nulo pelos dois métodos, e os efeitos de recombinação estimaram ganhos de 0,6 cm, e perdas de 0,8 cm, pelos métodos 1 e 2, respectivamente.

Mourão et al. (2007), ao avaliarem esta mesma população quanto à contribuição dos efeitos não-aditivos, obtiveram estimativas de heterose materna próximas as deste estudo, de 4,51 e 1,72 kg para as características peso aos 205 e 390 dias, respectivamente. As estimativas de heterozigotes diretas foram menores, exceto para AxB para peso aos 205 dias e BxC para peso aos 390 dias. O modelo utilizado nestas análises não incluía o efeito de epistasia, o que pode ter inflacionado as estimativas.

Estimativas de heterozigotes, positivas e significativas, que variaram de 4,7 a 15,6 kg, para peso a desmama, foram encontradas por Demeke et al. (2003a, b).

Em estudo que avaliou a retenção de heterose para características de crescimento nas gerações F2, F3 e F4 de uma população composta formada por várias raças *Bos taurus*, Gregory et al. (1991) encontraram menores estimativas de heterose do que as esperadas teoricamente, que foram atribuídas aos efeitos positivos de recombinação.

Há poucos trabalhos na literatura que apresentam resultados para efeitos de recombinação. Demeke et al. (2003a), ao trabalharem com bovinos cruzados *Bos indicus* x *Bos taurus* na Etiópia, encontraram estimativas de efeitos de recombinação significativas ($P < 0,05$) e negativas, para peso a desmama, para todos os tipos de cruzamentos.

Teixeira (2004) encontrou efeitos heteróticos significativos e positivos, para a característica perímetro escrotal, promovendo aumento nos animais F1, Nelore x Angus e Nelore x Hereford, de 1,52 e 0,45 cm,

respectivamente. Efeitos epistáticos individuais negativos em animais Nelore x Hereford, de -2,23 cm também foram reportados, observando-se que, as perdas por recombinação na geração F2 superam os ganhos obtidos pelos efeitos heteróticos na geração F1.

Vários trabalhos têm gerado componentes de efeitos genéticos, aditivos e não-aditivos para populações de animais cruzados. Os resultados são variáveis, e dependem das raças e grupos genéticos envolvidos nos cruzamentos e da contribuição das mesmas.

As médias dos valores genéticos preditos, os desvios-padrão, os valores mínimos e máximos e as amplitudes para os grupos de touros e garrotes, obtidas para a característica peso aos 205 dias (P205), obtidas quando os dados foram pré-ajustados para os efeitos não-aditivos, e quando estes efeitos foram incluídas como covariáveis no modelo de análise, encontram-se na Tabela 2.

A média dos valores genéticos para as categorias de touros e garrotes foram menores quando obtidas pelo método 2. A redução foi de 44%, 54% e 21% para os touros TA, TM e TB, e de 21% para os garrotes. No entanto, o desvio-padrão, e a amplitude dos valores genéticos preditos dos reprodutores, touros e tourinhos, praticamente não se alteraram quando foram utilizados os dois métodos de correção dos dados para os efeitos não-aditivos.

Pequena diferença foi constatada entre as correlações estimadas para os três grupos de touros. As correlações entre os dois procedimentos utilizados para correção dos dados diminuíram à medida que reduziu o número de filhos avaliados de cada touro, observado nos grupos TA, TM e TB.

Os valores, acima de 0,94, para as correlações de Pearson e Spearman (Tabela 2) entre os valores genéticos preditos dos reprodutores, para peso aos 205 dias, indicam que o ordenamento dos reprodutores não foi alterado pelo método de correção dos dados para os efeitos não-aditivos.

Tabela 2. Estimativas de médias, desvios-padrão (DP), valores máximos e mínimos, correlações de Pearson e Serman dos valores genéticos dos touros, classificados de acordo com o número de filhos mensurados, e dos tourinhos da safra 2004, obtidas a partir métodos de estimação 1 (M1) e 2 (M2), para peso aos 205 dias

| | TA Touros = 300 filhos (N=44) | | TM Touros com 40 < filhos < 300 (N=118) | | TB Touros < 40 filhos (N=467) | | Tourinhos 100% (N=2.972) | | Tourinhos 20% melhores pelo M1 (N=593) | |
|-------------------------|-------------------------------------|-------|--|-------|-------------------------------------|--------|--------------------------------|-------|---|-------|
| | M1 | M2 | M1 | M2 | M1 | M2 | M1 | M2 | M1 | M2 |
| Média (KG) | 4,53 | 2,53 | 2,71 | 1,25 | 1,84 | 1,46 | 3,91 | 3,08 | 7,50 | 6,71 |
| DP (Kg) | 3,97 | 4,06 | 4,46 | 4,53 | 4,27 | 4,23 | 2,72 | 2,77 | 1,18 | 1,26 |
| Mínimo (Kg) | -3,87 | -5,64 | -11,60 | -9,44 | -12,44 | -14,12 | -6,50 | -7,40 | 6,14 | 4,31 |
| Máximo (Kg) | 12,49 | 10,47 | 13,20 | 11,77 | 15,14 | 13,27 | 15,11 | 14,07 | 15,11 | 14,07 |
| Correlações de Pearson | | | | | | | | | | |
| M1 | 1,00 | | 1,00 | | 1,00 | | 1,00 | | 1,00 | |
| M2 | 0,99 | 1,00 | 0,97 | 1,00 | 0,95 | 1,00 | 0,99 | 1,00 | 0,97 | 1,00 |
| Correlações de Spearman | | | | | | | | | | |
| M1 | 1,00 | | 1,00 | | 1,00 | | 1,00 | | 1,00 | |
| M2 | 0,99 | 1,00 | 0,97 | 1,00 | 0,94 | 1,00 | 0,99 | 1,00 | 0,94 | 1,00 |

CONCLUSÕES

Para incrementar a eficiência de seleção em populações de animais cruzados, as características avaliadas devem ser adequadamente ajustadas para os efeitos de heterose. Quando não se observou diferenças nas estimativas de valores genéticos, os efeitos não-aditivos devem ser incluídos nos modelos como covariáveis, sem alterar a seleção dos melhores indivíduos, e facilitar, o processo de avaliação genética.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABDEL-AZIZ M.; SCHOEMAN S.J.; JORDAAN G.F. Estimation of additive, maternal and non-additive genetic effects of preweaning growth traits in a multibreed beef cattle project. **Animal Science Journal**, v. 74, n. 3, p. 169-179, 2003.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. 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. 125p.
- BUENO, R. S.; TORRES, R. A.; FERRAZ, J. B. S. et al. Efeito da inclusão do parâmetro para epistasia em modelo de avaliação genética de bovinos de corte compostos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Prelo, 2007.
- DEMEKE, S., NESER, F. W. C.; SCHOEMAN, S. J. Early growth performance of *Bos taurus* × *Bos indicus* cattle crosses in Ethiopia: Estimation of individual crossbreeding effects. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 120, p.245–257, 2003a.
- DEMEKE, S., NESER, F. W. C.; SCHOEMAN, S. J. Early growth performance of *Bos taurus* × *Bos indicus* cattle crosses in Ethiopia: Evaluation of different crossbreeding models. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 120, p.39–50, 2003b.
- DILLARD, E. U.; RODRIGUEZ, O.; ROBISON, O. W. Estimation of Additive and Nonadditive Direct and Maternal Genetic Effects from Crossbreeding Beef Cattle. **Journal of Animal Science**, v. 50, p. 653-663, 1980.
- FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P. Desenvolvimento de Bovinos de Corte Compostos no Brasil: O Desafio do Projeto Montana Tropical. IN: III SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL. 2000. **Anais ...2000**. Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal [2000] (CD-ROM).
- FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P; GOLDEN, B.L. Análise genética do composto Montana Tropical. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v. 23, p. 111-113, 1999.
- GREGORY, K.E.; LUNSTRA, D.D.; CUNDIFF, L.V. et al. Breed effects and heterosis in advanced generations of composite populations for puberty and scrotal traits of beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 69, n.7, p.2795-2807, 1991.
- MOURÃO, G.B.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P. et al. Efeitos genéticos não aditivos sobre pesos e desempenho de bovinos de corte compostos (*Bos taurus* x *Bos indicus*). **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, no prelo, 2007.
- MOURAO, 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*)**. Pirassununga, SP: FZEA, 2005. 109 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos/ Universidade de São Paulo, 2005.

- RODRIGUEZ-ALMEIDA, F.; Van VLECK, L.D.; CUNDIFF, L.V. et al. Heterogeneity of variance by sire breed, Sex, and dam breed in 200- and 365-day weights of beef cattle from a top cross experiment. **Journal of Animal Science**, v. 73, n. 9, p. 2579-2588, 1995.
- STATISTICAL ANALYSES SYSTEM - SAS. **SAS/STAT user'guide**, version 8.0 ed. Cary: 1999. v.1, 943p.
- SKRYPZECK, H; SCHOEMAN, S. J.; JORDAAN, G. F. et al. Estimates of crossbreeding parameters in a multibreed beef cattle crossbreeding project. **South African Journal of Animal Science**, v. 30, n. 3, p. 193–203, 2000.
- TEIXEIRA, R. A. **Efeitos genéticos aditivos e não aditivos que influenciam características reprodutivas e de crescimento em bovinos de corte**. 2004. 83f. Tese (Doutorado) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2004.

CONSIDERAÇÕES GERAIS

Modelos genéticos capazes de quantificar os efeitos de heterose devem incluir a estimação singular dos efeitos.

As estimativas dos efeitos aditivos e não aditivos obtidas neste estudo são particularmente úteis na predição de desempenho para genótipos não testados e na avaliação de sistemas de cruzamentos.

Investigações adicionais são necessárias quanto aos métodos de estimação dos efeitos genéticos aditivos e não aditivos, como se deve corrigir os dados para os efeitos não-aditivos, e o quanto estes afetam os valores genéticos dos animais.