



## Seleção para peso pós-desmama em um rebanho Gir. 2. Estimativas de variâncias e parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno para características de crescimento<sup>1</sup>

Fabiana Batalha Knackfuss<sup>2</sup>, Alexander George Razook<sup>3</sup>, Maria Eugênia Zerlotti Mercadante<sup>3</sup>, Joslaine Noely dos Santos Gonçalves Cyrillo<sup>3</sup>, Leopoldo Andrade de Figueiredo<sup>3</sup>, Humberto Tonhati<sup>4,5</sup>

<sup>1</sup> Parte da dissertação apresentada pela primeira autora ao curso de pós-graduação em genética e melhoramento animal UNESP - Jaboticabal - SP.

<sup>2</sup> Bolsista CAPES.

<sup>3</sup> Instituto de Zootecnia - Centro APTA de Bovinos de Corte - Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho.

<sup>4</sup> Professor Assistente - Depto. Melhoramento Genético Animal - FCAV - UNESP - Jaboticabal.

<sup>5</sup> Bolsista do CNPq.

**RESUMO** - Componentes de variância e parâmetros genéticos para características de crescimento foram estimados usando diferentes modelos em um rebanho da raça Gir. Utilizou-se o método da máxima verossimilhança restrita sob modelo animal univariado. Os modelos de análise incluíram os efeitos fixos de mês de nascimento, grupo contemporâneo e idade da vaca. Cinco modelos diferindo quanto aos efeitos aleatórios foram testados. Para todas as características da fase pré-desmama, o teste de razão de verossimilhança (LRT) indicou o modelo com efeito genético aditivo direto e efeitos maternos (genético e de ambiente permanente) como o de melhor ajuste. As estimativas de herdabilidade direta para peso ao nascer (PN), peso aos quatro meses corrigido para 120 dias (P120), peso à desmama corrigido para 210 dias (P210) e ganho diário na fase pré-desmama (GPRE) foram, respectivamente,  $0,31 \pm 0,07$ ;  $0,14 \pm 0,06$ ;  $0,23 \pm 0,07$  e  $0,22 \pm 0,07$ . Para as características da fase pós-desmama, o modelo que forneceu o melhor ajuste aos dados incluiu apenas o efeito genético aditivo direto. As estimativas de herdabilidade direta para peso de machos ao final da prova de ganho de peso (P378), peso de fêmeas corrigido para 550 dias (P550), ganho diário na prova de ganho de peso (G112), altura aos 378 dias em machos (AM) e altura aos 550 dias, em fêmeas (AF) foram, respectivamente:  $0,45 \pm 0,11$ ;  $0,29 \pm 0,11$ ;  $0,37 \pm 0,11$ ;  $0,79 \pm 0,13$  e  $0,36 \pm 0,0$ . Os efeitos maternos, tanto o genético quanto o de ambiente permanente, foram fontes de variação importantes para as características da fase pré-desmama, não sendo verificada influência desses efeitos sobre as características da fase pós-desmama.

Palavras-chave: bovinos de corte, ganho de peso diário, herdabilidade, modelo animal, prova de ganho de peso, teste de razão de verossimilhança

## Selection for growth traits in Gyr cattle. 2. Estimates of variances and genetic parameters due to direct and maternal effects

**ABSTRACT** - Variance components and genetic parameters for growth traits of Gyr breed were estimated using univariate analyses by restricted maximum likelihood. Five models differing in the random effects were evaluated. The models included the fixed effects of month of birth, contemporary group and age of cow. According to the likelihood ratio test (LRT) the best fit for all traits measured in the pre-weaning period was obtained by the model including the direct and maternal effects (genetic and environment). Heritability estimates for birth weight (PN), weight adjusted to 120 days (P120), weaning weight adjusted to 210 days (P210) and daily weight gain in pre-weaning period (P210) were respectively,  $0,31 \pm 0,07$ ,  $0,14 \pm 0,06$ ,  $0,23 \pm 0,07$ , and  $0,22 \pm 0,07$ . For the post-weaning traits, the best fitting model was the one which included only the direct genetic effect. Heritability estimates for male performance test weight at 378 days (P378), heifer weight at 550 days (P550), daily weight gain during the performance test (G112), male height at 378 days (AM) and heifer's height at 550 days (AF) were respectively,  $0,45 \pm 0,11$ ,  $0,29 \pm 0,11$ ,  $0,37 \pm 0,11$ ,  $0,79 \pm 0,13$ , and  $0,36 \pm 0,0$ . The maternal genetic and permanent environmental effects were important sources of variation only for the traits measured in the pre-weaning period.

Key Words: animal model, beef cattle, daily gain, heritability, likelihood ratio test, performance testing

### Introdução

O estudo dos fatores que influenciam determinada característica e a definição de modelos mais adequados

são fundamentais para a acurácia da estimação de parâmetros genéticos e da predição de valores genéticos.

Em bovinos de corte, as características de crescimento são afetadas não apenas pelo potencial genético do animal,

mas também pelo efeito materno, representado principalmente pela produção de leite da mãe e pela habilidade materna, embora os efeitos de ambiente uterino e herança extra-cromossomal também possam contribuir (Meyer, 1992). Desse modo, programas de seleção requerem estimativas acuradas de variâncias dos efeitos genéticos diretos e maternos e de suas correlações, principalmente se existir um antagonismo entre elas, como tem evidenciado a literatura. Além disso, dificuldades na estimação de parâmetros genéticos surgem pelo fato de os efeitos direto e materno estarem, no mínimo, parcialmente confundidos nos registros de desempenho dos animais (Robinson, 1996).

Estimativas de parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno para características das fases pré e pós-desmama em populações exclusivamente zebuínas são abundantes na literatura (Mercadante & Lôbo, 1997; Eler et al., 2001a,b). Na maioria dos estudos, os valores dos parâmetros genéticos foram bastante variáveis e indicaram grande influência materna nas características, além de antagonismo genético entre os efeitos direto e materno. Entretanto, poucos estudos mostraram influência da inclusão dos componentes do efeito materno (efeitos genético materno e de ambiente permanente) no modelo de análise sobre as estimativas dos componentes de (co) variância e dos parâmetros genéticos.

Albuquerque & Meyer (2001) estimaram herdabilidade para pesos do nascimento até os 600 dias de idade em subamostras com diferenças de uma semana de idade. Para peso ao nascer, a herdabilidade encontrada por estes autores foi de 0,28. Para peso à desmama, os valores variaram de 0,13 a 0,16 e, para pesos aos 450 e 550 dias, situaram-se entre 0,24 e 0,26. Nesse trabalho, a correlação entre efeito genético direto e materno foi assumida como zero.

Em recente estudo, Cyrillo et al. (2004) estimaram parâmetros genéticos para pesos obtidos em intervalos de 60 dias e para pesos padronizados do nascimento aos 378 dias de idade para machos da raça Nelore pertencentes ao programa de melhoramento genético das raças zebuínas de Sertãozinho, SP. Os autores concluíram que os modelos incluindo os efeitos maternos, além do efeito genético direto, foram mais adequados para descrever a trajetória das variâncias ao longo das fases iniciais de crescimento e que o efeito de ambiente permanente materno foi suficiente para ajustar a variação dos efeitos maternos (ambiente permanente materno e genético materno).

Os objetivos neste trabalho foram definir modelos aleatórios adequados e estimar parâmetros genéticos e não-genéticos para características de crescimento em um rebanho da raça Gir submetido à seleção para peso pós-desmama, com a finalidade de avaliar o ganho genético

obtido nestas características no programa de seleção da Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho (EEZS).

Em estudo preliminar, Knackfuss et al. (2006) verificaram que, após 21 anos de seleção deste rebanho, os principais objetivos do experimento de seleção relacionados à redução do intervalo de geração, à redução dos níveis de endogamia, à restrição do número de caracteres e ao máximo diferencial de seleção foram atingidos, o que teve reflexos, inclusive, em ganhos genéticos positivos tanto nas características sob seleção direta como nas correlacionadas.

## Material e Métodos

Os dados utilizados neste estudo foram provenientes do rebanho Gir, que faz parte do programa de seleção das raças Zebuínas, desenvolvido pela Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho-SP (EEZS), unidade da Secretaria de Agricultura do Estado de São Paulo.

Com o intuito de avaliar a eficiência da seleção com base no peso pós-desmama, iniciou-se em 1976 um processo de reestruturação do plantel e do sistema de manejo para dar início ao programa de seleção das raças Zebuínas. Os touros fundadores foram aqueles nascidos nos anos de 1977 a 1980, sendo o rebanho estabelecido com 80 fêmeas e seis touros, efetivo mantido ao longo dos anos.

Os machos foram selecionados com base no máximo diferencial de seleção do peso padronizado aos 378 dias (P378), obtido em prova de ganho de peso, e as novilhas, com base no máximo diferencial de seleção no peso aos 550 dias (P550), obtido em recria a pasto. Os detalhes da implantação do rebanho, do processo seletivo e do manejo foram descritos por Razook et al. (1998).

Foram estudados o peso ao nascer (PN), o peso aos quatro meses corrigido para 120 dias (P120), o peso à desmama corrigido para 210 dias (P210), o ganho diário na fase pré-desmama (GPRE), o peso de machos ao final da prova de ganho de peso (P378), o ganho diário na prova de ganho de peso (G112), o peso de fêmeas corrigido para 550 dias (P550), a altura aos 378 dias nos machos (AM) e a altura aos 550 dias nas fêmeas (AF). A estrutura dos dados utilizados neste trabalho é apresentada na Tabela 1.

Foram utilizados os arquivos de dados de desempenho e de *pedigree* de animais registrados no período de 1934 a 2001. A matriz de parentesco completa incluiu 1.740 registros, sendo os animais-base os pais e as matrizes dos touros nascidos de 1977 a 1980.

Com o objetivo de melhorar as relações de parentesco, foi feito um programa no SAS (1999) para retroceder até dez gerações na busca de ancestrais comuns, visto que alguns animais não apresentavam parentesco com nenhum outro indivíduo.

Tabela 1- Estrutura dos dados, média geral e desvio-padrão das características

Table 1 - Data structure, mean and standard deviation of the traits

Item Item	Característica <sup>1</sup> Trait <sup>1</sup>								
	PN (kg)	P120 (kg)	P210 (kg)	GPRE (g)	P378 (kg)	P550 (kg)	G112 (g)	AM (m)	AF(m)
N <sup>o</sup> animais <i>N. animals</i>	1259	1158	1148	1147	555	551	555	555	551
N <sup>o</sup> touros <i>N. sires</i>	73	73	73	73	73	71	73	73	71
N <sup>o</sup> mães <i>N. dams</i>	357	343	342	342	259	268	259	259	268
Média geral <i>Overall mean</i>	25,0	106,8	162,3	653,6	261,2	225,4	612,5	1,24	1,22
Desvio-padrão <i>Standard deviation</i>	3,4	16,1	23,3	105,2	33,7	38,6	135,2	0,04	0,05
Idade da vaca (anos) <i>Dam age (years)</i>									
Média <i>Mean</i>	7,1	7,1	7,1	7,1	7,2	7,0	7,2	7,2	7,0

<sup>1</sup> PN: peso ao nascer; P120: peso aos quatro meses corrigido para 120 dias de idade; P210: peso à desmama corrigido para 210 dias de idade; GPRE: ganho diário na fase pré-desmama; P378: peso de machos ao final da prova de ganho de peso; G112: ganho de peso diário na prova de ganho de peso; P550: peso de fêmeas corrigido para 550 dias de idade, altura aos 378 dias, em machos (AM) e altura aos 550 dias, em fêmeas (AF).

<sup>1</sup> PN: birth weight, P120: weight at four months corrected to 120 days, P210: weaning weight corrected to 210 days; GPRE: daily weight gain in preweaning phase; P378: male's performance testing weight at 378 days; G112: daily weight gain during the performance test; P550: heifer's weight at 550 days, bulls height at 378 days (AM) and heifers height at 550 days (AF).

As estimativas dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos foram obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), por meio de modelo animal (MA) univariado, utilizando-se o programa computacional MTDFREML ("Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood"), descrito por Boldman et al. (1995). O MTDFREML usa um algoritmo simplex para obtenção do mínimo de  $-2\text{LogL}$  (em que L = função de verossimilhança) em modelos com múltiplos parâmetros. Os componentes de (co) variância que minimizam a função  $-2\text{LogL}$  são estimativas de máxima verossimilhança.

O critério de convergência considerado foi de  $10^{-6}$ . A cada convergência o programa foi reiniciado, sendo utilizados como valores iniciais os obtidos nas análises anteriores. Este procedimento foi repetido até que a diferença entre as estimativas fosse menor que  $10^{-6}$ .

Os modelos de análise incluíram os efeitos fixos de mês de nascimento (8,9,10 e 11), grupo contemporâneo (GC) e idade da mãe em anos (3,4,...,10 e 11). Os efeitos fixos foram os mesmos para todos os modelos estudados, de modo que o grupo contemporâneo foi definido para as características da fase pré-desmama, por ano de nascimento (1978,...,2001) e sexo e, para as da fase pós-desmama, somente por ano de nascimento.

Inicialmente, foram realizadas 50 análises univariadas, quando foram testados cinco modelos, que diferiram apenas quanto aos efeitos aleatórios. O primeiro modelo de análise (M1) incluiu apenas o efeito genético aditivo direto do animal como aleatório, desconsiderando-se qualquer influência materna. O modelo 2 (M2) incluiu, além desse efeito, o de ambiente permanente comum aos filhos de mesma mãe,

sendo aleatório e não correlacionado ao genótipo do animal. O modelo três (M3) incluiu, além do efeito genético direto do animal, o genético materno, assumindo-se a existência de correlação entre estes efeitos. Os modelos 4 (M4) e 5 (M5) incluíram todos os efeitos supracitados, sendo que, para o modelo 4, foi assumida correlação nula entre os efeitos genéticos direto e materno e, para o modelo 5, esta correlação não foi fixada.

Em termos matriciais, o modelo 5 pode ser descrito como:

$$Y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3p + e$$

em que: Y = vetor de observações;  $\beta$  = vetor de efeitos fixos; A = vetor de efeito aleatório genético aditivo direto; m = vetor de efeito aleatório genético aditivo materno; p = vetor de efeitos de ambiente permanente; e = vetor de efeitos residuais; X, Z<sub>1</sub>, Z<sub>2</sub>, Z<sub>3</sub> = matrizes de incidência associadas a  $\beta$ , a, m, e p, respectivamente.

O seguinte comportamento é admitido:

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ m \\ p \\ \varepsilon \end{bmatrix} \sim \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

$$\begin{pmatrix} V & Z_1G + Z_2C & Z_2M + Z_1C & Z_3P & R \\ GZ_1' + CZ_2' & G & C & 0 & 0 \\ MZ_2' + CZ_1' & C & M & 0 & 0 \\ PZ_3' & 0 & 0 & P & 0 \\ R & 0 & 0 & 0 & R \end{pmatrix}$$

em que:  $V = Z_1 G Z_1' + Z_2 M Z_2' + 2 Z_1 C Z_2' + Z_3 P Z_3' + R$ ;  $G = A \sigma_a^2$ ;  $M = A \sigma_m^2$ ;  $C = A \sigma_{am}$ ;  $P = I m \sigma_c^2$ ;  $R = I n \sigma_e^2$ ;  $m =$  número total de mães;  $n =$  número total de observações; sendo:  $\sigma_a^2 =$  variância genética aditiva direta;  $\sigma_m^2 =$  variância genética aditiva materna;  $\sigma_{am} =$  covariância genética entre efeito direto e materno;  $\sigma_c^2 =$  variância de ambiente permanente materno;  $\sigma_e^2 =$  variância do erro;  $A =$  matriz de relações aditivas entre os animais;  $I =$  uma matriz identidade.

Uma vez realizadas as análises univariadas, foi empregado o teste de razão de verossimilhança (LRT) para verificar a significância dos efeitos testados nos modelos para cada característica.

No teste de razão de verossimilhança, definiu-se  $\lambda$  como a razão do máximo da função de verossimilhança no modelo reduzido (com menor número de parâmetros,  $-2\text{Log}L_R$ ) sobre o máximo da função de verossimilhança no modelo completo (com maior número de parâmetros,  $-2\text{Log}L_C$ ).

Para grandes valores de  $n$ , a distribuição de  $-2\text{Log}\lambda$  aproxima-se de uma distribuição qui-quadrado ( $\chi^2$ ), com  $m$  graus de liberdade (em que  $m$  representa o número de parâmetros estimados nos modelos) e probabilidade de 5% de erro (Dobson, 1990).

Os valores de  $-2\text{Log}L_R$  e  $-2\text{Log}L_C$  foram calculados pelo programa MTDFREML (Boldman et al., 1995) e, quando  $-2\text{Log}\lambda \geq \chi^2_{(0,05; m)}$ , pode-se afirmar que o efeito testado foi significativo.

## Resultados e Discussão

Foram detectadas diferenças significativas ( $P < 0,05$ ) pelo teste de razão de verossimilhança para todas as características da fase pré-desmama, quando os modelos completo (M4) e intermediários (M2 e M3) foram comparados ao modelo mais simples (M1). Os valores de  $-2\text{Log}L$  diferiram significativamente ( $P < 0,05$ ) quando M2 e M3 foram comparados a M4, sugerindo que a influência materna, tanto genética quanto de ambiente permanente, foi importante para a variação destas características. A maioria dos resultados constantes na literatura tem indicado grande influência materna na maioria das características da fase pré-desmama. Albuquerque & Meyer (2001), estudando o crescimento de animais da raça Nelore do nascimento aos 600 dias de idade, observaram decréscimo da importância dos efeitos maternos a partir da desmama. Da mesma forma, Eler et al. (2001a) destacaram a importância da inclusão dos efeitos maternos no modelo de análise para peso ao nascer, peso à desmama e ganho de peso diário do nascimento à desmama em bovinos da raça Nelore. Quando M4 e M5

foram comparados entre si, os valores de  $-2\text{Log}L$  não diferiram significativamente ( $P > 0,05$ ), o que permitiu assumir a independência dos efeitos genéticos direto e materno, isto é, correlação igual a zero.

Para as características da fase pós-desmama, a inclusão dos efeitos maternos (genético e ambiental) não resultou em melhoria de ajuste, uma vez que, pelo teste de razão de verossimilhança, não foram detectadas diferenças significativas ( $P < 0,05$ ) quando M1 (que só ajustou para o efeito genético direto) foi comparado aos demais modelos de análise. Estes resultados contrastam com os relatados por Robinson (1996) e Mercadante & Lôbo (1997), que ressaltaram a importância destes efeitos na variação do peso a um ano de idade.

Desta forma, as estimativas dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos para as características da fase pré-desmama foram baseadas nos valores obtidos sob o modelo M4 e para as características da fase pós-desmama, conforme o modelo M1.

Mercadante et al. (2003), testando diferentes modelos para P550 e peso à seleção de machos e fêmeas como um só caráter, em animais da raça Nelore pertencentes ao rebanho da EEZS, concluíram que o melhor modelo para estas características inclui não apenas o efeito genético direto, mas também o de ambiente permanente materno. Da mesma forma, Cyrillo et al. (2004) destacaram que a inclusão do efeito de ambiente permanente materno no modelo, além do efeito genético direto, foi suficiente para ajustar a variação de ambos os efeitos maternos, em pesos de animais machos Nelore até 13 meses de idade.

As estimativas dos componentes de (co)variância e herdabilidade para as características das fases pré e pós-desmama, obtidas por meio das análises univariadas, são apresentadas nas Tabelas 2 e 3.

Para as características da fase pré-desmama, os valores de herdabilidade do efeito genético direto ( $h^2$ ) decresceram substancialmente do M1 para o M4, indicando que, nos modelos cujos efeitos maternos foram desconsiderados, houve superestimação da variância genética aditiva direta ( $\sigma_a^2$ ), o que provocou viés nas estimativas.

O valor estimado para herdabilidade do efeito genético direto ( $h^2$ ) para PN (0,31) foi similar aos encontrados por Albuquerque & Meyer (2001) e Eler et al. (2001a), de 0,28 e 0,33, respectivamente, em rebanhos da raça Nelore. Quanto aos efeitos genéticos maternos ( $m^2$ ) para PN, o valor encontrado neste estudo ( $0,14 \pm 0,06$ ) corrobora o resultado apresentado por Koots et al. (1994), que relataram média de  $0,18 \pm 0,06$  obtida a partir de 35 trabalhos da literatura.

Tabela 2 - Estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para características da fase pré-desmama em um rebanho Gir

Table 2 - Estimates of (co) variances components and genetic parameters for the traits of the preweaning phase in a Gyr cattle herd

Característica <sup>1</sup> Trait <sup>1</sup>	Parâmetro <sup>2</sup> Parameter <sup>2</sup>									
	$\sigma_a^2$	$\sigma_m^2$	$\sigma_{am}$	$\sigma_c^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_p^2$	$h^2$	$m^2$	$c^2$	$r_{am}$
PN (M1)	5,30				5,33	10,63	0,50 ± 0,06			
PN (M2)	4,22			0,93	5,19	10,34	0,41 ± 0,07		0,09 ± 0,03	
PN (M3)	3,24	1,51	-0,01		5,62	10,36	0,31 ± 0,09	0,15 ± 0,05		-0,01 ± 0,24
PN (M4)*	3,22	1,49		0,008	5,64	10,36	0,31 ± 0,07	0,14 ± 0,05	0,08 ± 0,03	
PN (M5)	3,26	1,51	-0,03	0,06	5,61	10,37	0,31 ± 0,09	0,15 ± 0,05	0,0005 ± 0,03	-0,01 ± 0,24
P120 (M1)	41,99				149,56	191,55	0,22 ± 0,06			
P120 (M2)	26,38			18,76	143,69	188,83	0,14 ± 0,06		0,10 ± 0,03	
P120 (M3)	34,27	29,92	-18,44		144,40	190,16	0,18 ± 0,08	0,16 ± 0,06		-0,58 ± 0,22
P120 (M4)*	25,85	3,42		16,20	143,72	189,20	0,14 ± 0,06	0,02 ± 0,04	0,09 ± 0,04	
P120 (M5)	35,58	12,58	-17,88	18,56	138,57	187,42	0,19 ± 0,08	0,07 ± 0,06	0,10 ± 0,04	-0,85 ± 0,24
P210 (M1)	114,79				246,22	361,01	0,32 ± 0,07			
P210 (M2)	85,36			33,34	236,69	355,39	0,24 ± 0,07		0,09 ± 0,03	
P210 (M3)	101,55	51,15	-27,52		234,63	359,82	0,28 ± 0,10	0,14 ± 0,06		-0,38 ± 0,23
P210 (M4)*	83,46	9,76		27,24	236,36	356,83	0,23 ± 0,07	0,03 ± 0,04	0,08 ± 0,04	
P210 (M5)	103,94	22,01	-33,99	32,29	225,71	351,95	0,30 ± 0,10	0,06 ± 0,05	0,09 ± 0,04	-0,67 ± 0,27
GPRE (M1)	2105,40				5270,12	7375,53	0,29 ± 0,07			
GPRE (M2)	1577,49			732,24	4978,56	7288,28	0,22 ± 0,07		0,10 ± 0,03	
GPRE (M3)	2028,11	1115,14	-704,64		4927,33	7365,94	0,28 ± 0,10	0,15 ± 0,06		-0,47 ± 0,21
GPRE (M4)*	1570,64	1,28		753,20	4965,27	7290,38	0,22 ± 0,07	0,0 ± 0,03	0,10 ± 0,04	
GPRE (M5)	2066,03	474,65	-762,66	737,62	4702,56	7218,20	0,29 ± 0,10	0,07 ± 0,05	0,10 ± 0,04	-0,77 ± 0,24

<sup>1</sup> PN: peso ao nascer (kg); P120: peso aos quatro meses corrigido para 120 dias de idade (kg); P210: peso à desmama corrigido para 210 dias de idade (kg); GPRE: ganho na pré-desmama (g).

<sup>2</sup>  $\sigma_a^2$ : variância genética aditiva direta;  $\sigma_m^2$ : variância genética aditiva materna;  $\sigma_{am}$ : covariância genética entre os efeitos direto e materno;  $\sigma_c^2$ : variância decorrente do ambiente materno;  $\sigma_e^2$ : variância residual;  $\sigma_p^2$ : variância fenotípica;  $h^2$ : herdabilidade do efeito direto;  $m^2$ : herdabilidade do efeito materno;  $c^2$ : porção da variância fenotípica decorrente do ambiente materno;  $r_{am}$ : correlação genética entre os efeitos diretos e maternos \* Modelo significativo; (M1), Modelo 1; (M2), Modelo 2; (M3), Modelo 3; (M4), Modelo 4.

<sup>1</sup> PN: birth weight (kg); P120: weight at 4 months corrected to 120 days (kg); P210: weaning weight corrected to 210 days (kg); GPRE: daily weight gain in preweaning phase (g);  $\sigma_a^2$ : direct additive genetic variance.

<sup>2</sup>  $\sigma_a^2$ : maternal additive genetic variance;  $\sigma_m^2$ : genetic covariance between direct and maternal effects;  $\sigma_c^2$ : variance due to maternal permanent environment;  $\sigma_e^2$ : residual variance;  $\sigma_p^2$ : phenotypic variance;  $h^2$ : direct heritability;  $m^2$ : maternal heritability;  $c^2$ : fraction of phenotypic variance due to maternal permanent environment;  $r_{am}$ : genetic correlation between direct and maternal effects; \* significant model; (M1), Model 1; (M2), Model 2; (M3), Model 3; (M4), Model 4.

A característica P120 apresentou estimativas de  $h^2$  e  $m^2$  iguais a  $0,14 \pm 0,06$  e  $0,02 \pm 0,04$ , respectivamente, contrastando com os valores de  $0,04 \pm 0,03$  ( $h^2$ ) e  $0,08 \pm 0,04$  ( $m^2$ ) relatados por Cyrillo et al. (2004) para animais da raça Nelore, conforme modelo correspondente ao M4.

A estimativa de  $h^2$  para P210 foi igual a 0,23, superior às obtidas por Eler et al. (1995), de 0,13, e Albuquerque & Meyer (2001), de 0,13 a 0,16. Uma das razões para estimativas mais elevadas obtidas neste estudo é que, na EEZS, há controle dos grupos de manejo, o que acarreta diminuição da variância residual, além de serem valores de um único rebanho. Quanto aos efeitos maternos para P210, o valor estimado de  $m^2$  ( $0,03 \pm 0,04$ ) foi inferior à estimativa encontrada por Mercadante et al. (1995), de 0,18.

Os dados analisados neste trabalho incluíram mães com apenas uma progênie, o que pode ter impedido a completa decomposição dos efeitos maternos (genético e de ambiente permanente). As estimativas referentes a  $c^2$  (porção da variância fenotípica devida ao ambiente permanente materno) variaram de 0,08 (PN e P210) a 0,10 (GPRE).

O ganho de peso médio diário apresentou estimativa de  $h^2$  ( $0,22 \pm 0,07$ ) similar a do peso à desmama. Estimativa superior (0,28) de  $h^2$  para ganho na fase pré-desmama foi relatada por Eler et al. (2001a).

De modo geral, as herdabilidades dos efeitos genéticos diretos para as características da fase pré-desmama foram moderadas, o que, no entanto, não foi observado para as

Tabela 3 - Estimativas dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos para características da fase pós-desmama em rebanho Gir

Table 3 - Estimates of (co) variances components and genetic parameters for the traits of the postweaning phase in a Gyr cattle herd

Característica <sup>1</sup> Trait <sup>1</sup>	Parâmetro <sup>2</sup> Parameter <sup>2</sup>									
	$\sigma_a^2$	$\sigma_m^2$	$\sigma_{am}$	$\sigma_c^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_p^2$	$h^2$	$m^2$	$c^2$	$r_{am}$
P378(M1)*	338,72				420,80	759,60	0,45 ± 0,11			
P378(M2)	335,99			0,008	423,00	759,01	0,44 ± 0,12		0,0 ± 0,03	
P378(M3)	498,80	93,40	-166,09		340,11	766,22	0,65 ± 0,18	0,12 ± 0,09		-0,77 ± 0,17
P378(M4)	335,04	3,58		0,09	420,80	759,52	0,44 ± 0,13	0,0 ± 0,05	0,0 ± 0,06	
P378(M5)	493,92	90,61	-167,77	6,81	340,12	763,69	0,65 ± 0,18	0,12 ± 0,10	0,01 ± 0,05	-0,79 ± 0,21
P550 (M1)*	135,66				337,31	472,97	0,29 ± 0,11			
P550 (M2)	121,24			18,09	331,25	470,57	0,14 ± 0,06		0,10 ± 0,03	
P550 (M3)	156,85	22,38	-27,38		320,78	472,75	0,33 ± 0,16	0,05 ± 0,07		-0,46 ± 0,04
P550 (M4)	121,17	0,0006		19,54	328,96	468,67	0,26 ± 0,12	0,0 ± 0,07	0,04 ± 0,07	
P550 (M5)	120,18	0,0005	0,01	18,85	330,42	469,46	0,26 ± 0,14	0,0 ± 0,07	0,04 ± 0,07	0,05 ± 0,06
G112 (M1)*	4244,76				7277,83	11522,59	0,37 ± 0,11			
G112 (M2)	4223,38			0,01	7284,25	11507,84	0,37 ± 0,12		0,0 ± 0,05	
G112 (M3)	5587,35	799,63	-1300,7		6554,02	11640,31	0,48 ± 0,17	0,07 ± 0,08		-0,66 ± 0,26
G112 (M4)	4241,60	0,0		0,001	7255,04	11496,65	0,37 ± 0,12	0,0 ± 0,05	0,0 ± 0,04	
G112 (M5)	5673,85	793,92	-1416,4	0,96	6527,09	11579,28	0,49 ± 0,17	0,07 ± 0,08	0,0 ± 0,06	-0,66 ± 0,30
AM (M1)*	0,001				0,0003	0,001	0,79 ± 0,13			
AM (M2)	0,001			0,0	0,0003	0,001	0,74 ± 0,14		0,0 ± 0,05	
AM (M3)	0,001	0,0001	-0,0003		0,0002	0,001	1,00 ± 0,22	0,07 ± 0,12		-0,84 ± 0,24
AM (M4)	0,001	0,0		0,0	0,0003	0,001	0,79 ± 0,15	0,0 ± 0,08	0,0 ± 0,07	
AM (M5)	0,001	0,0	0,0	0,0	0,0003	0,001	0,79 ± 0,15	0,0 ± 0,08	0,0 ± 0,07	0,0 ± 0,0
AF (M1)*	0,0005				0,0009	0,001	0,36 ± 0,01			
AF (M2)	0,0005			0,0	0,0009	0,001	0,35 ± 0,12		0,04 ± 0,06	
AF (M3)	0,002	0,0009	-0,001		0,0003	0,002	1,00 ± 0,33	0,47 ± 0,14		-0,92 ± 0,06
AF (M4)	0,0005	0,0		0,0	0,0009	0,001	0,34 ± 0,13	0,0 ± 0,07	0,04 ± 0,07	
AF (M5)	0,0005	0,0	0,0	0,0	0,0009	0,001	0,34 ± 0,13	0,0 ± 0,07	0,04 ± 0,07	0,0 ± 0,0

<sup>1</sup> P378: peso de machos ao final da prova de ganho de peso (kg); P550: peso de fêmeas corrigido para 550 dias de idade (kg); G112: ganho de peso diário na prova de ganho de peso (g); AM: altura aos 378 dias, em machos (m) e AF: altura aos 550 dias, em fêmeas (m).

<sup>2</sup>  $\sigma_a^2$ : variância genética aditiva direta;  $\sigma_m^2$ : variância genética aditiva materna;  $\sigma_{am}$ : covariância genética entre os efeitos direto e materno;  $\sigma_c^2$ : variância decorrente do ambiente materno;  $\sigma_e^2$ : variância residual;  $\sigma_p^2$ : variância fenotípica;  $h^2$ : herdabilidade do efeito direto;  $m^2$ : herdabilidade do efeito materno;  $c^2$ : porção da variância fenotípica decorrente do ambiente materno;  $r_{am}$ : correlação genética entre os efeitos diretos e maternos.

\* Modelo significativo; (M1), Modelo 1; (M2), Modelo 2; (M3), Modelo 3; (M4), Modelo 4.

<sup>1</sup> P378: male's performance testing weight at 378 day (kg); P550: heifer's weight at 550 days (kg); G112: daily weight gain during the performance test (g); AM: bull's height at 378 days (m); AF: heifer's height at 550 days (m).

<sup>2</sup>  $\sigma_a^2$ : maternal additive genetic variance;  $\sigma_m^2$ : genetic covariance between direct and maternal effects;  $\sigma_c^2$ : variance due to maternal permanent environment;  $\sigma_e^2$ : residual variance;  $\sigma_p^2$ : phenotypic variance;  $h^2$ : direct heritability;  $m^2$ : maternal heritability;  $c^2$ : fraction of phenotypic variance due to maternal permanent environment;  $r_{am}$ : genetic correlation between direct and maternal effects.

\* Significant model; (M1), Model 1; (M2), Model 2; (M3), Model 3; (M4), Model 4.

estimativas dos efeitos maternos, que apresentaram valores de pequena magnitude.

As estimativas de  $h^2$  para as características da fase pós-desmama assumiram valores de medianos a altos, o que não foi observado para  $m^2$  cujos valores foram baixos. A contribuição do efeito de ambiente permanente materno como proporção da variância fenotípica total assumiu valores iguais ou próximos a zero. De acordo com Meyer (1993), efeitos maternos encontrados em pesos pós-desmama podem ser consequência de efeitos em pesos anteriores. Neste estudo, porém, isto não foi observado.

Nos modelos M3 e M5, quando a correlação genética entre os efeitos diretos e maternos foi alta e negativa, a  $\sigma_a^2$  também ficou superestimada, o que fez com que a  $h^2$  fosse mais alta que nos outros modelos, sugerindo que os modelos mais adequados devem assumir covariância igual a zero entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno.

A estimativa de  $h^2$  obtida neste estudo para P378 (0,45 ± 0,11) foi semelhante à encontrada por Razook et al. (1998), porém superior às obtidas por Mercadante et al. (2003) e Cyrillo et al. (2004), que observaram estimativas de 0,37 ± 0,04 e 0,30 ± 0,06, respectivamente, ao usarem um modelo corres-

pondente ao M2. Esta diferença pode ser explicada pela inclusão do efeito materno no modelo utilizado por esses autores, o que acarretou diminuição da variância genética aditiva e da herdabilidade direta.

Mercadante et al. (1995) relataram valor médio de  $h^2$  igual a 0,38 para peso aos 550 dias de idade em animais zebuínos, superior ao encontrado neste estudo.

Como esperado, o G112 foi a característica menos influenciada pelos efeitos maternos, visto que está livre da influência dos pesos anteriores, além de ter sido obtido posteriormente ao período de adaptação pós-desmama. A  $h^2$  de  $0,37 \pm 0,11$  para G112 pode ser considerada média-alta, similar ao valor de 0,45 encontrado por Razook et al. (1998) em animais Nelore. Outros pesquisadores relataram herdabilidades para ganho de peso pós-desmama de 0,20 para Nelore (Eler et al., 2001b) e 0,25 para Angus (Cardoso et al., 2004). A diferença entre esses resultados e os obtidos neste estudo pode ser atribuída ao maior controle ambiental proporcionado a animais participantes de provas de ganho de peso em estações experimentais, diferentemente daqueles criados em fazendas particulares.

Os valores encontrados para a herdabilidade da altura demonstraram a existência de variabilidade genética nesta população. Para AM, foi encontrada estimativa de  $h^2$  igual a  $0,79 \pm 0,12$ . Estimativa inferior (0,58) foi obtida por Cyrillo et al. (2001) em animais da raça Nelore. Quanto à altura em fêmeas (AF), o valor encontrado (0,36) foi inferior ao observado por Mercadante et al. (2003) ( $0,45 \pm 0,06$ ).

### Conclusões

A variação existente em características da fase pré-desmama do rebanho Gir da EEZS foi melhor explicada por um modelo animal que incluiu, além do efeito genético aditivo direto, os efeitos maternos (direto e de ambiente permanente). Entretanto, o componente de efeito aditivo direto foi suficiente para explicar a variação genética nas características da fase pós-desmama.

As estimativas de herdabilidade direta para as características das fases pré e pós-desmama variaram de moderadas a altas, respectivamente, indicando a existência de variação genética aditiva nessas características da população e explicando os significativos ganhos genéticos alcançados tanto nas características sob seleção direta quanto nas correlacionadas.

### Literatura Citada

ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of direct and maternal genetic effects for weights from birth to 600 days of

- age in Nelore cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetic**, v.118, p.83-92, 2001.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; Van VLECK, L.D. et al. **A manual for use for MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [Draft]**. Lincoln: Department of Agricultural, Agricultural Research Service, 1995. 120p.
- CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de caracteres pós-desmama em bovinos da raça Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.2, p.313-319, 2004.
- CYRILLO, J.N.S.G.; ALENCAR, M.M.; RAZOOK, A.G. et al. Modelagem e estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos para pesos do nascimento ao momento da seleção (378 dias) de machos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.1405-1415, 2004.
- DOBSON, A.J. **An introduction to generalized linear models**. Melbourne: Chapman and Hall, 1990. 174p.
- ELER, J.P.; Van VLECK, L.D.; FERRAZ, J.B.S. et al. Estimation of variances due to direct and maternal effects for growth traits of Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.73, p.3253-3258, 1995.
- ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; DIAS, F. Estimação de parâmetros genéticos para características produtivas na raça Nelore. I- Fase pré-desmama. In: REUNIÃO DE LA ASOCIACION LATINOAMERICANA DE PRODUCCIÓN ANIMAL, 17., 2001, La Habana. **Proceedings...** Havana: ALPA, 2001a. 1. CD-ROM.
- ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; DIAS, F. Estimação de parâmetros genéticos para características produtivas na raça Nelore. II -Fase pós-desmama. In: REUNIÃO DE LA ASOCIACION LATINOAMERICANA DE PRODUCCIÓN ANIMAL, 17., 2001, La Habana. **Proceedings...** Havana: ALPA, 2001b.1. CD-ROM.
- KNACKFUSS, F.B.; RAZOOK, A.G.; MERCADANTE, M.E.Z. et al. Seleção para peso pós-desmama em um rebanho Gir: I. Resposta direta e correlacionada em 21 anos de seleção. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.3, p.715-725, 2006.
- KOOTS, K.R.; GIBSON, J.P.; SMITH, C. et al. Analyses of published genetic parameters for beef production traits. 1. Heritability. **Animal Breeding Abstracts**, v.62, p.309-338, 1994.
- MERCADANTE, M.E.Z.; LÔBO, R.B.; REYS, A. de los. Parâmetros genéticos para características de crecimiento en cebuínos de carne: una revisión. **Archivos Latinoamericanos de Produccion Animal**, v.3, p. 45-89, 1995.
- MERCADANTE, M.E.Z.; LÔBO, R.B. Estimativas de (co) variâncias e parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno de características de crescimento de fêmeas de um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 26, n.6, p. 1124-1133, 1997.
- MERCADANTE, M.E.Z.; PACKER, I.U.; RAZOOK, A.G. et al. Direct responses to selection for yearling weight on reproductive performance of Nelore cows. **Journal of Animal Science**, v.81, p.376-384, 2003.
- MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. **Livestock Production Science**, v.31, p.179-204, 1992.
- MEYER, K. Estimates of covariance components for growth traits of Australian Charolais cattle. **Australian Journal Agricultural Research**, v.44, p.1501-1508, 1993.
- RAZOOK, A.G.; FIGUEIREDO, L.A.; BONILHA NETO, L.M. et al. Selection for yearling weight in Nelore and Guzerá zebu breeds: selection applied and response in 15 years of progeny. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6., 1998, Armidale. **Proceedings...** Armidale: University of New England, 1998. p.133-136.
- ROBINSON, D.L. Estimation and interpretation of direct and maternal genetic parameters for weights of Australian Angus Cattle. **Livestock Production Science**, v.45, p.1-11, 1996.
- STATISTICAL ANALYSES SYSTEM - SAS. **SAS/STAT™. SAS user's guide for windows environment**. version 6. 11.ed. Cary: 1999.