

Modelos Animais Alternativos para Estimaco de Componentes de (co)Varincia e de Parmetros Genticos e Fenotpicos do Peso ao Nascer na Raa Nelore¹

Mrcia Tereza Vieira Scarpati², Raysildo Barbosa Lbo³

RESUMO - O objetivo deste trabalho foi estudar os aspectos gentico-quantitativos do peso ao nascer (PN), de animais da raa Nelore, em rebanhos participantes do Programa de Melhoramento Gentico da Raa Nelore, realizado pelo Departamento de Gentica da Universidade de So Paulo. Apenas os pesos de bezerros normais, nascidos vivos e oriundos de gestaes no gemelares, concebidos por meio da inseminaco artificial foram considerados. Os componentes de (co)varincia foram estimados assumindo-se quatro diferentes modelos lineares mistos, em que se atribuiram como causas de variao os efeitos genticos direto e materno e de ambiente permanente, pela incluso alternada dos efeitos aleatrios pertinentes, alm dos efeitos fixos de grupo contemporneo e classe de idade da vaca ao parto, nos modelos de anlise. Este procedimento permitiu quantificar a importncia das diferentes formas de influncia na caracterstica, especialmente as de origem materna. O nmero de observaes foi 6511; a mdia, 31 kg; e o desvio-padro, 4,1 kg. As estimativas de herdabilidades direta, materna e total foram de 0,20 a 0,37; 0,11 a 0,13; e 0,22 a 0,37, respectivamente. As correlaes entre efeitos direto e materno foram negativas (-0,14 a -0,16). O PN  uma caracterstica predominantemente determinada por ao gentica aditiva direta, pouco influenciada pelo fentipo materno, e com antagonismo entre os efeitos genticos. A resposta  seleo para o PN poder ser maximizada se baseada em estimativas obtidas em anlises realizadas com modelos animais, em que os efeitos genticos e maternos tenham sido considerados.

Palavras-chave: bovinos de corte, efeitos maternos, mxima verossimilhana restrita, seleo

Alternative Animal Models to Estimate (co) Variance Components and Genetic and Phenotypic Parameters for Birth Weight in Nelore Cattle

ABSTRACT - The objective of this work was to study the genetic-quantitative aspects of birth weight (BW), in animals of Nelore breed, in the herd from the Nelore Cattle Genetic Improvement Program, conducted by the Department of Genetics of the University of So Paulo. Only the weights of sound calves, born alive and from births, obtained by artificial insemination were considered. The (co) variance components were estimated under four different animal models where direct and maternal genetic and permanent environmental were taken into account by including the appropriate random effects, as well as contemporary groups and age of cow at calving effects, in the statistical model. This procedure allowed the quantification of the contribution of different random effects, especially maternal effects. The number of records was 6511; the overall means 31 kg, and the standard deviation 4,1 kg. The direct, maternal and total estimated heritability ranged from 0.20 to 0.37, 0.11 to 0.13 and 0.22 to 0.37, respectively. The correlation's between genetic direct and maternal effects were negative (-0,14 to -0,16). The BW is a trait greatly determined by direct additive genic action, insignificantly affected by maternal phenotype, and with antagonism between the genetic effects. Response to selection for BW would be maximized if based on the parameters obtained by the analysis fitting animal models with direct and maternal effects.

Key Words: beef cattle, maternal effects, restricted maximum likelihood, selection

Introduo

O peso ao nascer (PN)  a primeira informao aps o nascimento do animal que indica seu vigor e desenvolvimento pr-natal, fortemente influenciado por fatores ambientais que influenciam a me, antes e durante a gestao, e pelo prprio perodo de gestao. Esta medida  importante para acompa-

nhar o desenvolvimento ponderal do animal, alm de ser utilizada, eventualmente, para ajustar pesos em idades posteriores (LBO, 1996).

Ao mesmo tempo em que baixos PN so indesejados por estarem relacionados ao aumento na taxa de mortalidade na fase pr-desmame, elevados PN tendem a aumentar a ocorrncia de distocia nos rebanhos. Como existe correlao gentica positiva

¹ Parte da Dissertao apresentada  Faculdade de Medicina de Ribeiro Preto pelo primeiro autor para obteno do ttulo de Mestre em Cincias. Apoio: CNPq e FINEP.

² Bolsista RHAE-CNPq; Embrapa Arroz e Feijo, Caixa postal 179, 74001 970 - Goinia GO.

³ Professor Associado do Departamento de Gentica da Faculdade de Medicina de Ribeiro Preto - USP. Av Bandeirantes, 3900 - 14049-900 - Ribeiro Preto SP; Bolsista CNPq.

de expressiva magnitude entre PN e pesos e ganhos de peso em idades posteriores, principalmente até o desmame, atenção especial deve ser dada a rebanhos em que se faz seleção para peso nesta fase, no sentido de se evitar que o PN médio seja elevado à magnitude tal que possa implicar em desempenho negativo da vaca ao parto e na menor viabilidade de seus produtos, ao nascer.

O PN, assim como qualquer outra característica, pode ser influenciado por fatores de ambiente, sejam permanentes ou não. Estes efeitos irão agir na vaca, principalmente durante a gestação, aliar-se aos efeitos genéticos e determinar o PN do animal. Dentro de uma mesma raça, diferenças decorrentes de nutrição, condição corporal e idade da vaca, sexo e número de bezerras, ano e estação de nascimento, rebanho, período de gestação, entre outros, são comumente observadas.

Estão disponíveis na literatura estimativas de herdabilidade do PN utilizando-se modelos mistos, assumindo modelo animal, e contemplando também o efeito genético materno que influencia essa característica (Tabela 1). As estimativas obtidas por LÔBO et al. (1994) e REYES et al. (1995) são exemplos, além de serem originárias de uma base de dados que inclui os registros que foram utilizados neste estudo.

O valor do parâmetro pode variar entre estudos, mas de maneira geral a herdabilidade para o efeito direto é de média a alta magnitude, variando de 0,29 (LÔBO et al., 1994) a 0,51 (MEYER et al., 1993; MEYER, 1995), refletindo a expressiva variabilidade genética direta da característica existente em todos os rebanhos e raças estudados. A contribuição materna para a variação dessa característica é relativamente reduzida, em comparação à direta, o que é comumente observado em características de crescimento em bovinos de corte, situando-se, neste caso, entre 0,07 (SWALVE, 1993) e 0,16 (ELER et al., 1996).

Mesmo que a ocorrência de dificuldades ao parto, na maior parte dos plantéis de zebuínos, não atinja índices alarmantes, principalmente porque a média de PN parece ser compatível com o tamanho adulto das vacas, este peso deve ser monitorado, uma vez que existe a tendência de se antecipar a idade ao primeiro parto das primíparas, e não se conhece ao certo o limite entre peso ou tamanho da novilha e peso ao nascer da cria, para um parto sem problemas.

Este trabalho foi conduzido com o objetivo de estudar os aspectos genético-quantitativos envolvidos no peso ao nascer de animais da raça Nelore utilizando diferentes modelos lineares mistos, procurando distinguir entre os efeitos aleatórios que influenciam essa característica.

Material e Métodos

Para o presente estudo foram utilizadas informações de animais da raça Nelore, criados em oito rebanhos localizados nos Estados de Goiás, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais e São Paulo, participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN).

Foram considerados pesos de bezerras normais, nascidos vivos e oriundos de gestações não gemelares, concebidos por meio da inseminação artificial. Aos rebanhos participantes do PMGRN, é facultativo informar o PN de seus animais. Por motivos práticos, muitos optam por não pesá-los neste evento. Por isso, em algumas fazendas o número de informações de PN foi reduzido, em relação ao número total de nascimentos.

Todas as informações de genealogia disponíveis foram incluídas com os objetivos de minimizar o vício decorrente de seleção e aumentar a acurácia das estimativas, como consequência da conexão entre as informações de animais (MEYER, 1992). Assim, o arquivo utilizado para implementar a matriz de parentesco, que incluiu também os animais sem registros (animais da população base), foi constituído de 13.684 diferentes animais, dando origem a 13677 *pedigrees* e a um coeficiente de endogamia de 0,027. O arquivo de dados para as análises continha informações de 6511 animais com PN conhecido, filhos de 309 touros e 3795 vacas, nascidos entre 1985 e 1996, ao longo de todos os meses do ano.

Foram considerados quatro trimestres de nascimento, que compreenderam os meses de janeiro a março, abril a junho, julho a setembro e outubro a dezembro. A seguir, os animais foram agrupados segundo fazenda, ano e trimestre de nascimento e sexo. Estes procedimentos deram origem aos grupos de contemporâneos (GC), que constituíram um dos efeitos fixos incluídos nos modelos de análise.

As idades das vacas ao parto foram divididas em seis diferentes classes, conforme usualmente feito em estudos e avaliações genéticas pelo PMGRN, constituindo então o segundo efeito fixo. As classes incluíram, separadamente, vacas paridas até os 2 anos, >2 a 3 anos, >3 a 4 anos, >4 a 5 anos, >5 a 9 anos e > 9 anos em diante. Nos casos em que não se conhecia a data de nascimento das vacas, que constituiu uma pequena proporção dos dados, foi atribuída a quinta classe de idade ao parto, por ser a que inclui a média de idade das vacas, ao parto, neste conjunto de dados.

Análise estatística

O desenvolvimento e a aplicação da teoria do melhoramento genético dependem de modelos mate-

máticos que descrevam, da melhor maneira possível, os sistemas biológicos e suas inter-relações. Com o aumento da capacidade computacional disponível, modelos lineares empregados na análise genética de características e animais têm se tornado mais detalhados. No momento, o modelo linear misto incluindo o animal como efeito genético direto (modelo animal) tem sido aplicado para diversos fins, e sua eficácia tem sido observada na estimação de parâmetros genéticos (MEYER, 1992).

Assim, os componentes de (co)variância foram estimados assumindo-se quatro diferentes modelos, desde o mais simples com um único efeito aleatório, além do erro, até o mais abrangente. Atribuíram-se como causas de variação os efeitos genéticos direto e materno, e, ou, de ambiente permanente, pela inclusão alternada dos efeitos aleatórios pertinentes, além dos efeitos fixos descritos anteriormente. Os modelos podem ser representados sob forma matricial como:

$$y = X\beta + Z_1a + \varepsilon \quad [1]$$

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2p + \varepsilon \quad [2]$$

$$y = X\beta + Z_1a + Z_3m + \varepsilon \quad [3]$$

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2p + Z_3m + \varepsilon \quad [4]$$

em que

y = é o vetor de pesos ao nascimento;

X = é a matriz de incidência dos efeitos fixos;

β = é o vetor de efeitos fixos;

Z_1 = é a matriz de incidência dos efeitos genéticos diretos;

a = é o vetor de efeitos genéticos diretos;

Z_2 = é a matriz de incidência dos efeitos de ambiente permanente;

p = é o vetor de efeitos de ambiente permanente;

Z_3 = é a matriz de incidência dos efeitos genéticos maternos;

m = é o vetor de efeitos genéticos maternos;

e = é o vetor de erros aleatórios associados às observações.

Admitiu-se a seguinte distribuição conjunta para os efeitos aleatórios:

$$\begin{bmatrix} y \\ a \\ m \\ p \\ e \end{bmatrix} \sim \text{NMV} \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} V & Z_1G & Z_3M & Z_2P & R \\ GZ_1' & G & C & 0 & 0 \\ MZ_3' & C & M & 0 & 0 \\ PZ_2' & 0 & 0 & P & 0 \\ R & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix} \right\}$$

em que

$$V = Z_1GZ_1' + Z_3MZ_3' + Z_1CZ_3' + Z_3CZ_1' + Z_2PZ_2' + R$$

$$G = A\sigma_a^2;$$

$$M = A\sigma_m^2;$$

$$C = I\sigma_{am};$$

$$P = I_m\sigma_e^2;$$

$$R = I_n\sigma_e^2;$$

m = número total de vacas; e

n = número total de observações.

Sendo σ_a^2 a variância genética aditiva direta, σ_m^2 a variância genética aditiva materna, σ_{am} a covariância entre efeitos genéticos direto e materno, σ_e^2 a variância de ambiente permanente materno e σ_e^2 a variância residual. G_0 , M_0 , C_0 , P_0 , R_0 são matrizes de variâncias e covariâncias genética direta, materna, de ambiente permanente e residual das duas características, respectivamente. Assume-se que P ou P_0 e R ou R_0 são não correlacionados com os demais efeitos. A é a matriz de coeficientes de parentesco entre os animais e I , uma matriz identidade.

Todos os cálculos foram feitos utilizando-se o sistema MTDREML (*Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood*) (BOLDMAN et al., 1995) empregando o procedimento *Simplex* para localizar o mínimo de $-2 \log L$, em que $\log L$ é o logaritmo da função de verossimilhança restrita (MEYER, 1989). Considerou-se a convergência atingida quando a variância dos parâmetros a serem estimados no *Simplex* fosse menor que 10^{-9} , e para assegurar que este valor correspondia ao máximo global de $\log(L)$, e não local, as análises foram repetidas utilizando-se como valores iniciais os obtidos na análise prévia, conforme recomendado por BOLDMAN et al. (1995).

Teste da razão de verossimilhanças

Foi verificada a diferença entre os logaritmos das funções de verossimilhança restrita máximos globais alcançados, com o objetivo de testar a significância da inclusão alternada dos efeitos aleatórios e, conseqüentemente, identificar o modelo capaz de melhor se ajustar aos dados com o menor número possível de parâmetros. Para isso, foram obtidos desvios dos referidos logaritmos, oriundos de modelos que diferiram em apenas um efeito. Estes desvios foram então multiplicados por dois, constituindo o λ , que por sua vez foi comparado ao valor de qui-quadrado (χ^2) com um grau de liberdade e à probabilidade mínima de 95%, conforme descrito a seguir (DOBSON, 1990):

Tabela 1 - Estimativas de herdabilidade do peso ao nascer segundo grupo genético, método, fonte e país
 Table 1 - Estimates of heritability (h^2) for birth weight according to the genetic group, method, source and country

Grupo genético	h_a^2 (1)	h_m^2 (1)	Método ²	Fonte	País
Genetic group			Method ²	Source	Country
Nelore	0,46	0,12	Diversos	ELER et al., 1989a	Brasil
Simental	0,33	0,07	MAM	SWALVE, 1993	
Wokalup	0,51	-	MAM	MEYER et al., 1993	Austrália
Hereford	0,43	-	MAM	MEYER et al., 1993	Austrália
Diversos	0,31 ³	0,14 ⁽³⁾	Diversos	KOOTS et al., 1994	Diversos
Nelore	0,29	-	MAM	LÔBO et al., 1994	Brasil
Wokalup	0,51	-	MAM	MEYER, 1995	Austrália
Hereford	0,41	-	MAM	MEYER, 1995	Austrália
Diversos	0,33 ⁽³⁾	0,12 ³	Diversos	MERCADANTE et al., 1995	Diversos
Nelore	0,29	0,12	MAM	REYES et al., 1995	Brasil
Nelore	0,43	0,16	MAM	ELER et al., 1996	Brasil

¹ h_a^2 : herdabilidade direta; h_m^2 : herdabilidade materna;

² MAM: modelo animal multicaráter;

³ Valores ponderados.

¹ h_a^2 : direct heritability; h_m^2 : maternal heritability;

² MAM: multivariate animal model;

³ Weighed values.

$\lambda = 2(\log \text{likelihood do modelo [b]} - \log \text{likelihood do modelo [a]})$

se $\lambda \geq \chi^2_{1, 0,95}$ aceita-se o modelo [b]

se $\lambda < \chi^2_{1, 0,95}$ aceita-se o modelo [a]

em que a é o modelo com n parâmetros e b é o modelo com n+1 parâmetros.

Estimativas de parâmetros genéticos

Além dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos e fenotípicos obtidos em cada uma das análises, cálculos adicionais foram realizados, a fim de se obterem mais informações sobre cada característica e cumprir um dos principais objetivos propostos.

A herdabilidade total (h_T^2) proposta por DICKERSON (1947), e que segundo WILLHAM (1972) é a determinante da resposta à seleção para características sujeitas a efeito materno, foi calculada como sendo a regressão do genótipo total do animal em função de seu fenótipo. A expressão de h_T^2 foi calculada como:

$$h_T^2 = \frac{\sigma_a^2 + 0,5\sigma_m^2 + 1,5\sigma_{am}}{\sigma_p^2}$$

Resultados e Discussão

A média geral de peso ao nascer de 6511 animais calculada para este conjunto de dados foi de 31 kg, com desvio padrão de 4,1 kg, compatível com boa taxa de sobrevivência dos bezerros e com partos sem distocia. As estimativas resultantes de análises unicaracteres do PN, sob diferentes modelos, estão

apresentadas na Tabela 2, e os respectivos valores de λ , obtidos pela comparação dos modelos, estão apresentados na Tabela 3.

A variância fenotípica diminuiu pouco, porém, continuamente a cada novo modelo estudado, assim como alguns dos parâmetros estimados em sua proporção (h_a^2 , h_m^2 , h_T^2 e c^2) também diminuíram. As herdabilidades diretas assumiram valores entre 0,37 e 0,20 e as maternas, 0,13 e 0,11, obtidas a partir dos modelos [1] a [4], e [3] e [4], respectivamente. O efeito de ambiente permanente foi responsável por 9 e 3% da variação fenotípica observada no PN, conforme observado com os modelos [2] e [4], respectivamente. As herdabilidades totais estimadas a partir de [3] e [4] foram 0,23 e 0,22, pouco superiores às diretas, não tendo sido tão influenciadas pela covariância negativa entre efeitos genéticos direto e materno.

O modelo [1] forneceu os maiores componentes de variância fenotípica e genética aditiva direta e também de herdabilidade para este efeito, e o resíduo foi o menor entre todos os modelos empregados. A diminuição tanto na variância genética aditiva direta como na sua proporção em relação à fenotípica (h_a^2), como consequência da inclusão do efeito de ambiente permanente (modelo [2]), foi em torno de 32%, acompanhada de ligeiro aumento no componente residual.

Quando os efeitos genéticos direto e materno foram considerados simultaneamente (modelo [3]), a variância genética direta diminuiu mais do que quando se considerou apenas o efeito de ambiente permanente ([2]). Esta redução foi de 47,5%, contra 33% do modelo [2], ambos em relação ao [1]. Convém ressal-

Tabela 2 - Estimativas de componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos e fenotípicos para peso ao nascer, obtidos a partir de análises univariadas com diferentes modelos

Table 2 - Estimates of (co)variance components and phenotypic and genetic parameters for birth weight, obtained from univariate analysis with different models

Estimativa ¹ Estimate ¹	Modelo Model			
	[1]	[2]	[3]	[4]
σ_a^2	4,36	2,93	2,29	2,33
σ_m^2	–	–	1,53	1,26
σ_{am}	–	–	-0,26	-0,27
σ_c^2	–	1,08	–	0,34
σ_e^2	7,47	7,52	7,89	7,78
σ_p^2	11,83	11,53	11,45	11,43
h_a^2	0,37	0,25	0,20	0,20
h_m^2	–	–	0,13	0,11
r_{am}	–	–	-0,14	-0,16
c^2	–	0,094	–	0,029
e^2	0,63	0,65	0,69	0,68
h_T^2	0,37	0,25	0,23	0,22
log L	-42,08	-24,11	-0,97	0

¹ σ_a^2 : variância genética aditiva direta; σ_m^2 : variância genética aditiva materna; σ_{am} : covariância genética entre efeitos direto e materno; σ_c^2 : variância de ambiente permanente; σ_e^2 : variância residual; σ_p^2 : variância fenotípica; h_a^2 : herdabilidade direta; h_m^2 : herdabilidade materna; r_{am} : correlação entre efeitos direto e materno; c^2 : porção da variância fenotípica devida ao ambiente permanente; e^2 : porção da variância fenotípica devida ao resíduo; h_T^2 : herdabilidade total; log L: máximo do logaritmo da função de verossimilhança, expresso como desvio do modelo com maior valor.

¹ σ_a^2 : direct additive genetic variance; σ_m^2 : maternal additive genetic variance; σ_{am} : direct-maternal genetic effects covariance; σ_c^2 : variance due to maternal permanent environmental; σ_e^2 : residual variance; σ_p^2 : phenotypic variance; h_a^2 : direct heritability; h_m^2 : maternal heritability; r_{am} : direct-maternal genetic correlation; c^2 : fraction of phenotypic variance due to maternal permanent environmental; e^2 : fraction of phenotypic variance due to residue; h_T^2 : total heritability; log L: log likelihood, expressed as deviation from model with highest value.

tar que esta foi a menor estimativa para o referido parâmetro, obtida dentre os quatro modelos estudados, dando origem à menor herdabilidade direta.

Apesar de a variância genética direta obtida a partir de [4] ter sido um pouco superior à obtida em [3], a herdabilidade manteve-se constante. Com a inclusão simultânea dos efeitos maternos, a redução na variância e herdabilidade genética materna já era esperada. A porção da variância fenotípica decorrente do ambiente materno foi de 0,03, sendo 66,6% menor que a observada em [2], que por sua vez devia estar acrescida do efeito genético materno. A covariância negativa entre os efeitos genéticos direto

Tabela 3 - Diferenças entre log L obtidas a partir de quatro modelos usados em análises univariadas do peso ao nascer

Table 3 - Differences among log L from four models used in univariate analysis for birth weight

Modelo Model	λ
log L [2] - log L [1]	35,95*
log L [3] - log L [1]	88,23*
log L [4] - log L [2]	48,22*
log L [4] - log L [3]	1,95 ^{NS}

* Significativo ($P < 0,05$); NS: não-significativo ($P > 0,05$).

* Significant ($P < 0,05$); NS: not significant ($P > 0,05$).

e materno, constatada em [3], praticamente não se alterou, assim como a correlação, que foi de -0,14 para -0,16. A herdabilidade total também sofreu pequena alteração, porém de magnitude desprezível.

O PN, assim como características de crescimento na fase de aleitamento, é influenciado tanto pelo potencial de crescimento do bezerro como pela sua mãe, que fornece o ambiente onde o animal irá se desenvolver. Mesmo assim, também nesta característica, contemplar os efeitos maternos de origem genética e de ambiente, simultaneamente (modelo [4]) não foi significativamente diferente de considerar apenas o efeito genético materno, como feito em [3], talvez porque o ambiente materno permanente realmente seja pouco expressivo, como indica o valor de c^2 . Logo, o modelo [3] mostrou-se o mais adequado.

A herdabilidade total obtida, quando se usou o modelo [3], é considerada de média magnitude, indicando que, se for necessário selecionar para o PN, resposta à seleção favorável poderá ser esperada. Em termos práticos, talvez a seleção indireta ou simultânea com outras características positivamente correlacionadas seja mais recomendável.

A máxima verossimilhança supera alguns problemas de estimação de componentes de efeitos maternos, como ocorre nos métodos em que o mesmo animal contribui para diferentes covariâncias (THOMPSON, 1976). Mesmo assim, provavelmente essas estimativas não sejam muito acuradas. Pode ainda haver covariância de ambiente negativa entre mãe e progênie, o que resultaria em estimativa também viciada (MEYER, 1992). Desta forma, deve-se ter cuidado especial ao utilizar estas informações para tomar decisões práticas de seleção, mas procurar sempre considerá-las, uma vez que parece existir relação antagonica com efeito direto.

Os resultados deste estudo constataram antagonismo entre efeitos genéticos diretos e maternos para

a característica PN, como freqüentemente tem sido observado em estudos nos quais esta relação é estudada. As correlações resultantes de tais covariâncias poderiam reduzir o progresso genético esperado a partir da seleção direta. Se existe correlação genética negativa entre o efeito direto e materno, é porque a mãe fornece para sua progênie bom conjunto de genes para o efeito direto e efeito materno insatisfatório, ou vice-versa, dificultando o melhoramento por seleção baseada no valor fenotípico (WILLHAM, 1972).

Neste contexto, a resposta à seleção para o PN poderá ser maximizada se baseada em parâmetros obtidos em análises com modelos lineares mistos, em que os efeitos genéticos e maternos tenham sido considerados. A herdabilidade total obtida seguindo estes princípios reúne vantagens e tem justificada sua aplicação nos cálculos de resposta esperada à seleção.

Considerando-se a importância do peso ao nascer e suas relações com outras características de interesse em programa de melhoramento genético, sugere-se que os criadores se esforcem para adequar o manejo, a fim de permitir a obtenção desta informação.

Conclusões

Na população estudada, o peso ao nascer mostrou-se predominantemente influenciado por efeito genético aditivo direto, mas efeitos genético materno e de ambiente permanente também influenciam essa característica. A utilização de um modelo em que não for incluído o efeito de ambiente permanente simultaneamente aos genéticos pode ser interessante, por demandar menos tempo de processamento e memória RAM e se ajustar tão bem aos dados como um modelo completo.

A magnitude do componente de covariância dos efeitos genéticos direto e materno indica antagonismo. Para que a taxa de ganho genético possa ser maximizada, a seleção deve basear-se em parâmetros que o tenham considerado.

As magnitudes dos coeficientes de herdabilidades direta e total indicam que resposta favorável à seleção direta pode ser obtida para esta característica.

Agradecimentos

Ao CNPq, pela concessão da bolsa de estudo, e à FINEP, pelo apoio financeiro, sem os quais este trabalho não teria sido viabilizado.

Aos criadores participantes do Programa de

Melhoramento Genético da Raça Nelore, pela cessão dos dados.

Ao Analista de Sistemas Luiz Antônio Framartino Bezerra e aos professores Dr. Arcadio de los Reyes, Dr. Elias Nunes Martins e Dr. Henrique Nunes de Oliveira, pelos inúmeros esclarecimentos.

Referências Bibliográficas

- ALVES FILHO, D.C., RESTLE, J. Efeito do grupo genético no peso ao nascimento e ao desmame de terneiros de corte. In: REUNIÃO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34, 1996, Juiz de Fora. *Anais...* Viçosa: SBZ, 1997. p.202-4.
- 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]. U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service. 1995.
- DICKERSON, G.E. 1947. Composition of hog carcass as influenced by heritable differences in rate and economy of gain. *Iowa Agric. Exp. Sta. Bul.*, 354.
- DOBSON, A.J. 1990. An introduction to generalized linear models. Chapman and Hall, Melbourne, 174 p.
- ELER, J.P., LÔBO, R.B., DUARTE, F.A.M. 1989a. Avaliação dos efeitos genéticos direto e materno em pesos de bovinos da raça Nelore criados no estado de São Paulo. *R. Soc. Bras. Zootec.*, 18(2):112-23.
- ELER, J.P., LÔBO, R.B., ROSA, A.N. 1989b. Influência de fatores genéticos e de meio em pesos de bovinos da raça Nelore criados no estado de São Paulo. *R. Soc. Bras. Zootec.*, 18(2):103-11.
- ELER, J.P., FERRAZ, J.B.S., SILVA, P.R. Estimativa simultânea de parâmetros genéticos para características de importância econômica na raça Nelore, com a utilização de modelos animais. In: REUNIÃO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33, 1996, Fortaleza. *Anais...* Viçosa: SBZ, 1996. p.99-101.
- KOOTS, K.R., GIBSON, J.P., SMITH, C. et al. 1994. Analysis of published genetic parameter estimates for beef production traits. I. Heritability. *An. Breed. Abstr.*, 62(5):309-38.
- LÔBO, R.B. *Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore*. Ribeirão Preto, 1994. 31p.
- LÔBO, R.B. 1996. *Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore*. Ribeirão Preto, 104p.
- LÔBO, R.B., REYES, A. de los, FERRAZ, J.B.S. et al. Bivariate animal model analysis of growth weights and scrotal circumference of Nellore cattle in Brazil. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 5, Guelph, 1994. *Proceedings...* Guelph, v.17, p.199-201, 1994.
- MACHADO, P.F.A., AQUINO, L.H., GONÇALVES, T.M. et al. Influência de fatores de meio sobre características produtivas de animais da raça Nelore. In: REUNIÃO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34, 1996, Juiz de Fora. *Anais...* Viçosa: SBZ, 1997. p.211-3.
- MAGNABOSCO, C. de U., FAMULA, T., LÔBO, R.B. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e de ambiente de características de crescimento em bovinos da raça Nelore. In: REUNIÃO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33, 1996, Fortaleza. *Anais...* Viçosa: SBZ, 1996. p.142-4.
- MERCADANTE, M.E.Z., LÔBO, R.B., REYES, A. de los. 1995. Parâmetros genéticos para características de crecimiento en

- cebuínos de carne. *Arch. Lationam. Prod. Anim.*, 3(1):45-89.
- MEYER, K. 1989. Restricted Maximum Likelihood to estimate variance components for animals models with several random effects using a derivative-free algorithm. *Gen. Select. Evol.*, 21:317-40.
- MEYER, K. 1992. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. *Liv. Prod. Sci.*, 31:179-204.
- MEYER, K. 1995. Estimates of genetic parameters for mature weight of Australian beef cows and its relationship to early growth and skeletal measures. *Liv. Prod. Sci.*, 44:125-37.
- MEYER, K., CARRICK, M.J., DONNELLY, B.J.P. 1993. Genetic parameters for growth traits of Australian beef cattle from a multibreed selection experiment. *J. Anim. Sci.*, 71:2614-22.
- PENEDO, M.C.T., DUARTE, F.A.M., KOCH, G. 1976. Estudo do período de gestação em gado Nelore. *Ciência e Cultura*, 28:294 (Suplemento).
- REYES, A. de los, LÔBO, R.B., OLIVEIRA, H.N. et al. 1995. Estimación de (co)varianzas y DEPs por modelo animal bicarácter para pesos y perímetro escrotal de ganado Nelore en Brasil. *Rev. Arg. Prod. Anim.*, 15(3/4):926-30.
- SAS Institute Inc. SAS User's guide: basics. 5. ed. Cary, NC, SAS Institute, 1985. 1290p.
- SWALVE, H.H. 1993. Estimation of direct and maternal (co)variance components for growth traits in Australian Simmental beef cattle. *J. Anim. Breed. Genet.*, 110:241-52.
- THOMPSON, R. The estimation of maternal genetic variances. *Biometrics*, 32:903-17, 1976.
- TROVO, J.B.F. *Interações genótipo-ambiente em características do crescimento de bovinos Nelore*. Ribeirão Preto, 1983. 71 p. Dissertação (Mestrado em Genética) - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, 1983.
- WILLHAM. R.L. 1972. The role of maternal effects in animal breeding: III. Biometrical aspects of maternal effects in animals. *J. Anim. Sci.*, 35(6):1288-93.

Recebido em: 18/06/98

Aceito em: 03/12/98