

## Formando Lotes Uniformes de Reprodutores Múltiplos e Usando-os em Acasalamentos Dirigidos, em Populações Nelore<sup>1</sup>

Vânia Cardoso<sup>2</sup>, Vanerlei Mozaquatro Roso<sup>3</sup>, Jorge Luiz Paiva Severo<sup>3</sup>, Sandra Aidar de Queiroz<sup>4</sup>, Luiz Alberto Fries<sup>3, 5</sup>

**RESUMO** - Um programa com base em análise de conglomerados foi desenvolvido com o objetivo de formar lotes de touros geneticamente semelhantes para serem empregados como grupos de reprodutores múltiplos em acasalamentos dirigidos. Para o cálculo das distâncias entre os animais, as diferenças esperadas na progênie (DEPs) de nove características pré e pós-desmama foram padronizadas pelos respectivos desvios-padrão e ponderadas pelos mesmos fatores usados na construção do índice de seleção. O critério de formação dos lotes foi o de minimizar o somatório de todas as distâncias entre todos os possíveis pares de touros. O programa foi testado com 158 touros destaques de um rebanho Nelore. Um conjunto de 4740 vacas do mesmo rebanho foi utilizado para avaliar três situações de acasalamentos, quanto à produção de animais geneticamente superiores: (1) ao acaso; (2) dirigido, por meio do programa de acasalamentos dirigidos (PAD), com monta controlada; e (3) dirigido, por meio do PAD, com grupos de reprodutores múltiplos. Por meio de análise de componentes principais, foram avaliados os biotipos genéticos existentes nestas categorias de animais. Os valores extremos das médias das DEPs dos lotes e as do conjunto de touros foram muito semelhantes, indicando a capacidade do programa de preservar a maior parte da variância total. O uso do PAD, em relação à opção de acasalamentos ao acaso, fez com que as variâncias das DEPs dos produtos fossem triplicadas e, assim, permitiu incremento de 70% no número de animais a receberem o Certificado Especial de Identificação e Produção (CEIP) quando estipulou-se, como valor mínimo para a emissão deste, o menor índice dos 20% melhores produtos dos acasalamentos ao acaso. O primeiro componente principal das vacas indicou que dias para ganhar 240 kg pós-desmama e perímetro escrotal ajustado para idade e peso foram as características menos relevantes para explicar a variabilidade total no pré e no pós-desmama; o segundo discriminou entre animais melhores em desenvolvimento e nas avaliações visuais à desmama e o contrário ao sobreano, e animais com características opostas a estas; o terceiro componente ressaltou diferenças em precocidade reprodutiva. Para os touros e grupos de reprodutores, mesmo após intensa seleção, a maior parte da variação ainda existente esteve associada a diferenças em precocidade.

Palavras-chave: diferenças esperadas na progênie, fortran, gado de corte, índices de seleção, melhoramento genético, precocidade

## Forming Uniform Lots of Multiple Sires and Using them in Designed Matings in a Nelore Population

**ABSTRACT** - Cluster analysis principles were used to allot bulls to be used as Multiple Service sires (MS). Expected Progeny Differences (EPDs) on pre- and postweaning traits were used to calculate distances between bulls. EPDs were standardized and weighed to form a final selection index. The criteria to form lots was based on minimizing the sum of all standardized distances for all possible pairs of bulls. The program was tested on a set of 158 top bulls from a Nelore herd. A set of 4,740 breeding cows was used to evaluate three breeding strategies with the goal of producing genetically superior individuals: (1) random mating; (2) single sire under designed matings by a specific program (PAD); and (3) lots of multiple sires under designed matings using PAD. Principal components was used to obtain the genetic biotypes existing in these populations. Extreme values in EPDs amongst MS lots averages and overall were very similar, indicating the program's ability to preserve total variance. Variances of EPDs from calf crops obtained under the use of PAD were increased three fold. Using designed matings by PAD allowed an increase of 70% in the number of animals which would be recognized with official and fiscal benefits in comparison with random mating. First principal components for cows, indicated that most genetic variability is accounted for preweaning traits and visual scores at postweaning; the second indicated animals can be contrasted as good weaners and poor performer at yearling and vice-versa; the third component showed differences in sexual precocity. For single and multiple sires, despite the stronger selection pressure behind them, most of the remaining genetic variability is associated with differences in precocity (traits associated with early finishing).

Key Words: animal breeding, beef cattle, expected progeny differences, fortran, precocity, selection indexes

<sup>1</sup> Pesquisa em andamento no DZ - MGA - FCAV - UNESP/Jaboticabal e financiada pela FAPESP.

<sup>2</sup> Estudante de doutorado em Zootecnia, UNESP/Jaboticabal, SP. Bolsista FAPESP. E-mail: vcardoso@fcav.unesp.br

<sup>3</sup> GenSys Consultores Associados S/C Ltda. E-mail: gensys@gensys.com.br

<sup>4</sup> Profa. Assistente Dra. - DZ - MGA - UNESP/Jaboticabal, SP. Bolsista CNPq. E-mail: saquei@fcav.unesp.br

<sup>5</sup> Prof. Visitante-CAPES-DZ-MGA-FCAV-UNESP/Jaboticabal, SP. E-mail: fries@fcav.unesp.br

## Introdução

No delineamento de um programa de melhoramento, decisões sobre quais animais manter, o quanto usá-los na reprodução e como combiná-los compõem as principais estratégias a serem consideradas. Uma vez que a determinação dos melhores animais para seleção depende do padrão de acasalamento utilizado, e vice-versa, estas decisões podem ser tomadas simultaneamente. Isto vem sendo realizado por programas como o TGRM (Total Genetic Resource Management) (Kinghorn *et al.*, 2000) e o PAD (Programa de Acasalamentos Dirigidos) (Roso & Fries, 1998).

O PAD utiliza as DEPs dos animais para simular acasalamentos, calcular índices (desmama e final) da futura progênie média e sugerir acasalamentos que mais se aproximam dos objetivos pré-estabelecidos, otimizando os recursos genéticos existentes sob restrições ou ponderações definidas com base no valor econômico e/ou na ênfase que se deseja dar à seleção de cada característica. Possui, também, opção para controle da endogamia.

Um manejo frequentemente empregado em grandes rebanhos selecionadores e comerciais é o uso de reprodutores múltiplos (RM) no repasse de fêmeas em programas de inseminação artificial ou quando o número de fêmeas é muito grande e o número de pastos ou piquetes insuficiente. Uma maneira de otimizar a utilização desses reprodutores seria por meio da formação de grupos de animais, tão próximos geneticamente quanto possível, e da determinação e seleção de seus acasalamentos com as fêmeas disponíveis no rebanho. Esta estratégia poderia induzir a produção mais concentrada de animais superiores, aumentando a porcentagem de animais no rebanho a alcançarem o índice final mínimo para a emissão do Certificado Especial de Identificação e Produção (CEIP), supondo-se que um índice mínimo venha a ser empregado como critério para a emissão deste, como por exemplo, o menor valor dentre 20% dos melhores animais obtidos por meio de acasalamento ao acaso.

A formação de grupos de RM pode ser uma das aplicações da análise de conglomerados (“clusters”) em melhoramento animal. Este é um procedimento multivariado que agrupa observações com atributos similares. A padronização de características raciais ou funcionais (peso, idade, chifres, tamanho do prepúcio, libido e agressividade), além das caracte-

rísticas produtivas, traria benefícios de manejo, reprodutivos e econômicos.

O pacote computacional SPSS trabalha com dois métodos de agrupamentos: o hierárquico e o de K-Médias, em que K é o número de conglomerados pré-especificado (SPSS, 1999). O SAS (SAS, 1979) utiliza apenas a técnica de formação hierárquica de conglomerados. Estes programas não permitem a definição de critérios para estabelecer distâncias entre os touros e o agrupamento dos mesmos, com base nos índices finais.

De acordo com Roso & Fries (1995), a determinação dos componentes de produção como, por exemplo, a importância de diferentes tecidos sobre o ganho de peso em bovinos, pode ter significado econômico apreciável. Igualmente importante, quanto à tomada de decisões e para o direcionamento correto dos programas de acasalamento, é a interpretação das relações existentes entre as variáveis, ou da estrutura de covariância entre várias características medidas em uma população animal (Baker *et al.*, 1998; Roso & Fries, 1995).

A análise de componentes principais é uma técnica capaz de condensar e descrever os fatores responsáveis por diferenças entre indivíduos de uma população de acordo com um conjunto de respostas observadas. Morrison (1976) descreveu métodos numéricos para a extração de auto-valores e dos auto-vetores ou componentes principais, definindo a técnica como uma estatística amostral multivariada e em termos de geometria dos pontos de dispersão das observações. Segundo o autor, as variáveis observadas seriam representadas por funções lineares de um número menor de variáveis, cuja forma matemática permitiria gerar as covariâncias ou correlações entre as respostas. A análise estatística da estrutura de dependência é que produziria os coeficientes das funções ou, seus componentes principais. É importante ressaltar que os componentes principais são ortogonais entre si, o que indica independência entre os mesmos.

Os objetivos do presente estudo foram: (1) desenvolver um programa em Fortran 95 para realização de análise de conglomerados, com base na maior proximidade genética entre os touros, padronizando-se as distâncias e ponderando-se as DEPs de acordo com o índice final utilizado, bem como apresentação das médias das DEPs para cada grupo de RM formado; (2) avaliar o incremento no número de animais superiores, ao se utilizar grupos de RM em acasalamentos

dirigidos, em comparação ao emprego de acasalamento ao acaso e monta controlada dirigida; (3) verificar a influência das características consideradas na obtenção de índices de seleção finais, em três conjuntos de animais Nelore: touros a serem utilizados em acasalamentos dirigidos por meio de monta controlada; médias de grupos de reprodutores múltiplos formados por animais geneticamente semelhantes; e um conjunto de vacas selecionadas e disponíveis para reprodução.

### Materiais e Métodos

O programa foi desenvolvido em linguagem de programação Fortran 95 e testado com informações de 158 touros da raça Nelore nascidos em 1998 e disponíveis para a reprodução em 2001, pertencentes à Agropecuária Jacarezinho Ltda (AJ), localizada no município de Valparaíso, SP. Estes animais representaram o conjunto de animais "Deca 1" (a categoria dos 10% melhores animais) após a avaliação final, ao sobreano, de acordo com os critérios que definem o índice utilizado pela empresa, denominado Índice Final AJ (Sumário Aliança Nelore, 2000), e todos receberam o CEIP. O arquivo de touros utilizado continha as DEPs dos animais para as características de desmama D160 (dias para ganhar 160 kg do nascimento à desmama), C (conformação), P (precoceidade) e M (musculatura); e as características de pós-desmama D240 (dias para ganhar 240 kg pós-desmama), C, P, M e PE (perímetro escrotal ajustado para idade e peso). Estas mesmas características foram consideradas na obtenção do Índice Final AJ, com as seguintes ponderações, respectivamente: 0,23; 0,04; 0,08; 0,08; 0,23; 0,04; 0,08; 0,08 e 0,14.

O método desenvolvido para construção dos grupos de RM teve como referência a análise de conglomerados de k-médias, com  $k=5$  ou seja, com cinco reprodutores, no máximo, por lote. Foram utilizadas, como variáveis para o cálculo das distâncias entre os animais, as DEPs padronizadas de acordo com os respectivos desvios-padrão, ponderadas por meio dos fatores empregados na obtenção dos índices finais AJ (Sumário Aliança Nelore, 2000) descritos acima e convertidas para uma base 10, como se cada touro fosse avaliado para 10 características.

De maneira semelhante à análise de conglomerados de k-médias, houve aqui a necessidade de padronização prévia dos dados para obtenção das distâncias entre os animais, uma vez que estes seriam

avaliados por um conjunto de características com pesos e variâncias diferentes. A medida de distância constituiu-se do quadrado da distância Euclideana (num espaço de 9 dimensões) entre os touros, ou seja, foi equivalente ao resultado do somatório do quadrado das diferenças entre as DEPs padronizadas e ponderadas, de cada par de animais, para todas as nove características. A matriz contendo todas as distâncias foi formada pelos valores diagonais de 158 matrizes resultantes da multiplicação da matriz de diferenças calculadas para os 158 touros com relação a cada outro pela sua transposta. A distância de Mahalanobis que, segundo Morrison (1976), consideraria também as correlações entre as características e, assim, poderia melhor medir as distâncias não pôde ser utilizada, por causa da instabilidade numérica observada quando da obtenção da inversa da matriz de variâncias e covariâncias das DEPs, em consequência da multicolinearidade entre as características consideradas. Além disso, esta estatística mede distâncias entre observações que sempre percorrem um caminho que passa pela massa central dos dados (média multivariada, ou seja, do vetor de observações dos touros), podendo levar à obtenção de diferenças irreais entre os animais.

Para avaliação do ganho numérico na produção de animais superiores, ao se utilizar acasalamento dirigido com os grupos de RM formados pelo programa, empregou-se um conjunto de dados de 4.740 vacas Nelore disponíveis para a reprodução em 2001, pertencentes à mesma propriedade, e com as mesmas características acima descritas, medidas em seus filhos, com informações completas na desmama e sobreano.

Os índices finais dos touros e das vacas foram obtidos com base nas DEPs de todas as características. Acasalamentos dirigidos, em monta controlada, dos 158 touros com as vacas disponíveis, bem como acasalamentos dirigidos de cada um dos grupos de RM (considerando-se como índice final de cada grupo a média dos índices finais de seus respectivos touros) com as mesmas fêmeas foram realizados por meio do programa PAD, na proporção de 30 fêmeas por reprodutor. Obtiveram-se, então, os índices finais esperados das progênes produzidas em todas as situações de acasalamentos (ao acaso, monta controlada e grupos de RM).

Os índices genéticos finais esperados para os produtos do acasalamento ao acaso das fêmeas disponíveis com os 158 touros foram determinados con-

siderando-se os índices finais das vacas e a média dos índices finais dos touros.

A avaliação de todas as situações de acasalamentos empregadas deu-se por meio da obtenção das médias, desvios-padrão, valores mínimos e máximos dos índices esperados para os produtos, bem como das médias dos índices finais esperados para os 20% melhores produtos. Determinou-se, também, o número de animais superiores em cada situação, supondo-se que o ponto de corte para que um animal pudesse ser reconhecido pela emissão do CEIP, fosse obtido a partir de 20% dos animais superiores, produtos do acasalamento ao acaso.

Para a análise de componentes principais, foram utilizados os cadastros dos animais com os dados completos para as nove características, pertencentes ao conjunto de touros, aos 32 grupos de reprodutores múltiplos formados, cada qual composto por animais geneticamente semelhantes, e ao conjunto de vacas disponíveis para reprodução, sendo este último o que melhor representa a variabilidade existente na população, uma vez que sofreram pequena pressão de seleção para estas características.

Médias das DEPs para as características citadas, determinadas para cada grupo de reprodutores múltiplos, foram usadas como se referentes a observações de 32 touros médios.

Utilizou-se, para a análise, o procedimento PRINCOMP do sistema computacional SAS (SAS, 1996), que trabalha sobre as matrizes de correlações das características dos três conjuntos.

## Resultados e Discussão

### *Programa para formação de lotes de RM*

Determinou-se um número máximo de cinco animais por lote de RM, existindo, portanto, 769.754.986 combinações possíveis para se agrupar os 158 touros.

O programa executa tantas iterações quanto o número de grupos de reprodutores a serem formados, realizando análise de conglomerados por meio do somatório das distâncias mínimas entre os animais e criando cada uma destas combinações de cinco touros. Para todas as combinações somaram-se, então, as 10 distâncias possíveis em nove dimensões entre os cinco animais, obtendo-se uma distância total para cada conglomerado ou grupo analisado. Cada conglomerado teve sua distância comparada a uma distância total mínima determinada, a qual era substituída, sempre, pelo novo valor mínimo encontrado, até que

todas as combinações fossem testadas e o grupo de reprodutores com as menores distâncias determinado. A cada nova iteração, os touros componentes dos grupos de RM já formados eram excluídos do conjunto de animais disponíveis para lotear. Então, novas combinações eram testadas pelo programa e novas distâncias totais mínimas dos conglomerados pesquisadas. Ao final de 31 iterações, 32 grupos de reprodutores múltiplos que possuíam as menores distâncias ou a maior proximidade genética entre seus componentes foram formados. O último grupo constituiu-se dos três animais restantes após a iteração 31. Dado o algoritmo que foi utilizado, espera-se que o primeiro lote seja o mais homogêneo, com distâncias mínimas entre os touros do lote 1. E o último lote poderia conter animais até antagônicos, se a pré-seleção permitisse isto. Na prática, recomendaria-se que os animais do último lote fossem utilizados em monta controlada ou agrupados em outros lotes, formando então alguns grupos de RM com seis touros.

Após a formação dos grupos, o programa lê o arquivo original, novamente, (identificação e todas as DEPs para cada animal) e calcula as médias das DEPs de todas as características para cada grupo, além da média dos índices finais para cada grupo de reprodutores múltiplos.

Ao final, dois arquivos são criados: um com as médias e variâncias das DEPs para cada característica e com a definição do grupo a que cada touro pertence; e outro, em que são gravadas as médias das DEPs para cada um dos grupos de reprodutores. Estes arquivos são de utilidade para planejar os acasalamentos destes lotes de RM.

A capacidade do programa de produzir lotes de RM quase tão extremos quanto os próprios indivíduos causou surpresa. Este fato até pode ser muito pouco conhecido porque sem o auxílio de um "software" adequado esta seria uma tarefa praticamente não executável, dado o número de combinações possíveis e cálculos necessários. O "loteamento" de RM nas fazendas, de maneira adequada, considerando-se todas as características, pode ser feito por meio do uso de um programa computacional como o apresentado. Este é um programa de fácil utilização, simples e direto, tendo apresentado tempo de processamento de aproximadamente 12 horas em um equipamento com processador Pentium III de 650 MHz com 512 MB Ram.

Pode-se observar na Tabela 1 a semelhança existente entre os desvios-padrão calculados para os

Tabela 1 - Número de animais (N), médias, desvios-padrão (DP), valores mínimos (Mín) e máximos (Máx) para as DEPs das características avaliadas em um conjunto de touros e em grupos de reprodutores múltiplos (RM)  
 Table 1 - Number of animals (N), means, standard deviations (SD), minimum (Min) and maximum (Max) values for EPDs of evaluated traits in a set of sires and a set of multiple service sires (MS)

DEP <sup>1</sup> EPD <sup>1</sup>	N	Touros Sires				N	Grupos de RM Lots of MS			
		Média Mean	DP SD	Mín Min	Máx Max		Média Mean	DP SD	Mín Min	Máx Max
D160 D160	158	8,467	2,586	1,500	16,000	32	8,456	2,107	4,000	12,700
CD WCS	158	0,202	0,094	-0,050	0,410	32	0,202	0,080	0,050	0,330
PD WPS	158	0,251	0,083	0,010	0,460	32	0,252	0,070	0,140	0,430
MD WMS	158	0,259	0,084	0,060	0,520	32	0,260	0,070	0,100	0,450
D240 D240	158	36,34	17,09	-3,000	78,60	32	36,36	12,67	11,70	60,50
CS YCS	158	0,233	0,099	-0,030	0,470	32	0,234	0,080	0,100	0,360
PS YPS	158	0,307	0,114	0,020	0,550	32	0,306	0,091	0,130	0,460
MS YMS	158	0,292	0,107	0,000	0,560	32	0,292	0,077	0,130	0,420
PES SC/AW	158	0,333	0,502	-0,900	1,500	32	0,336	0,426	-0,560	1,160

<sup>1</sup> D160, CD, PD, MD, D240, CS, PS, MS e PES são as DEPs das características: dias para ganhar 160 kg do nascimento à desmama, conformação, precocidade de terminação e musculatura, à desmama, dias para ganhar 240 kg pós-desmama, conformação, precocidade de terminação e musculatura, no sobreano, e perímetro escrotal ajustado para idade e peso, respectivamente (D160, WCS, WPS, WMS, D240, YCS, YPS, YMS and SC/AW are the traits' EPDs: days to gain 160 kg from birth to weaning, conformation score, precocity or early finishing score, muscling score, at weaning, days to gain 240 kg from weaning to slaughter, conformation score, precocity or early finishing score, muscling score, at yearling, and scrotal circumference adjusted to age and weight, respectively).

158 touros e para os 32 grupos de reprodutores, indicando a precisão obtida na construção de grupos de animais mais próximos entre si, em torno das médias das DEPs para todas as características. Os valores mínimos e máximos das DEPs entre todos os touros e entre as médias dos grupos também são apresentados e podem auxiliar na indicação de quanto o programa foi capaz de preservar as diferenças existentes entre os touros na formação dos lotes de RM. Para a maior parte das características, o loteamento dos grupos de RM reduziu os desvios-padrão em cerca de 10% em relação aos desvios-padrão correspondentes dos touros individuais. Exceção é o que aconteceu com a característica D240, cujo desvio-padrão foi reduzido em 26%. Isto provavelmente foi causado pelo fato de que na formulação do Índice Final AJ (e conseqüentemente no programa desenvolvido), a característica considerada é a D400 (dias necessários para ganhar 400 kg do nascimento ao sobreano), que soma D160 com D240. Assim sendo, existe a possibilidade de dois animais com valores distintos nestas duas características gerarem

valores próximos de D400 e serem incluídos num mesmo grupo. Quando isto ocorre, determina maior variabilidade dentro de grupo e menor variabilidade entre grupos de RM.

#### Situações de acasalamentos

Para que se pudesse comparar os diferentes sistemas de acasalamentos quanto à produção de animais geneticamente superiores, supôs-se que os mesmos animais (machos e fêmeas, que já sofreram prévia pressão seletiva, uma vez que os conjuntos de dados utilizados são de animais já avaliados) foram empregados nas três situações, na mesma proporção e com igual eficiência reprodutiva.

As médias encontradas para os índices finais esperados dos produtos resultantes do acasalamento ao acaso e dos acasalamentos dirigidos por monta controlada e com o uso de grupos de RM foram todas iguais a 11,5898. Entretanto, os desvios-padrão obtidos para as diferentes situações (Tabela 2) mostraram distribuições distintas, em torno da média, como era esperado. O PAD otimiza, de maneira preferencial, os acasalamentos dos melhores indivíduos, re-

Tabela 2 - Número de animais, médias, desvios-padrão, valores mínimos e máximos dos índices finais esperados para os produtos resultantes do acasalamento ao acaso (ACASO) e de acasalamentos dirigidos em monta controlada (AD+MC) e com grupos de reprodutores múltiplos (AD+RM)

Table 2 - Number of animals, means, standard deviations, minimum and maximum values of expected indexes of progenies produced by random mating (RANDOM), single sire under designed matings (SS+DM) and lots of multiple sires under designed matings (MS+DM)

Índices esperados <i>Expected indexes</i>	Número <i>Number</i>	Média <i>Mean</i>	Desvio-padrão <i>Standard deviation</i>	Mínimo <i>Minimum</i>	Máximo <i>Maximum</i>
ACASO <i>RANDOM</i>	4740	11,5898	3,1156	-3,4527	24,4887
AD+MC <i>SS+DM</i>	4740	11,5898	5,5463	-7,9849	31,1149
AD+RM <i>MS+DM</i>	4740	11,5898	5,3517	-7,1527	29,7731

sultando em produção proporcionalmente maior de animais extremos. Isto também pode ser verificado por inspeção dos valores mínimos e máximos encontrados para os índices esperados desses produtos (Tabela 2). Deve ser salientado que o PAD não faz qualquer predição com relação ao sexo do futuro animal obtido pelo acasalamento recomendado. Assim sendo, na discussão que se segue, é considerado que a progênie é toda de um mesmo sexo ou que animais machos e fêmeas poderão, igualmente, receber CEIP.

A menor variância apresentada pelos produtos de acasalamento ao acaso, em comparação com os de acasalamentos dirigidos, pode ser observada na Figura 1, que representa as distribuições dos índices esperados para os produtos nas três situações de acasalamentos. As curvas de distribuições foram suavizadas por meio do emprego da média móvel, descrita por Mabert (1975), que consistiu na utilização das médias de cada grupo de três índices mais próximos, a fim de facilitar a visualização dos resultados. As variâncias das DEPs dos produtos obtidos por meio do uso do PAD foram praticamente triplicadas no contraste com acasalamentos ao acaso, verificando-se um multiplicador de 2,95 para a situação em que se utilizou RM e de 3,17 para monta controlada. Em consequência desta maior variação causada pelo uso do PAD, observa-se maior número de animais extremos em relação à utilização de acasalamento ao acaso. Assim, os 20% melhores animais resultantes dos acasalamentos dirigidos, e que receberiam o CEIP, seriam superiores aos 20% melhores de acasalamentos ao acaso ou, então, o número de produtos aptos ao CEIP deveria ser maior ao se realizar acasalamento dirigido. Uma vez que este estudo visa comparar diferentes situações de

acasalamento e não considera os efeitos da seleção sobre os acasalamentos, observa-se também aumento na produção de animais inferiores. Na prática, o resultado prévio das simulações de acasalamentos deverá ser utilizado para a seleção, evitando a produção deste tipo de animais, promovendo ganho genético e melhor uniformidade dos produtos, e resultando em maiores benefícios comerciais para os produtores.

Dentre os animais produzidos pelos acasalamentos dirigidos dos touros em monta controlada, os 20% melhores apresentaram média dos índices esperados igual a 19,4885, sendo que o animal inferior dentre esses obteve índice de 16,1254 e o superior de 31,1149. A média dos índices referentes aos 20% melhores animais da progênie resultante dos

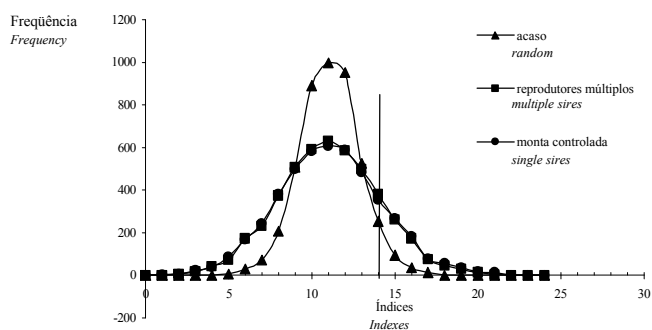


Figura 1 - Distribuição dos índices esperados de acordo com o tipo de acasalamento: ao acaso ou dirigido, por meio do Programa de Acasalamentos Dirigidos, para grupos de RM ou monta controlada.

Figure 1 - Distribution of the expected indexes according to the breeding strategy: random mating or single sire under designed matings or lots of multiple sires under designed matings.

acasalamentos dirigidos com os lotes de RM foi semelhante, 19,1240, com índice mínimo de 15,8794 e máximo de 29,7731. Para os produtos de acasalamentos ao acaso, esta média foi bem inferior, 15,9835, com valor mínimo de 13,8525 e máximo de 24,4887.

Um índice final mínimo igual a 13,8525 (o menor valor dentre os animais superiores produzidos pelos acasalamentos ao acaso; ou o ponto de corte dos 20% superiores) foi utilizado como o referencial para a determinação dos melhores animais, a serem reconhecidos pela emissão do CEIP. Aplicando-se este mesmo referencial, índice igual ou superior a 13,8525, aos produtos esperados dos acasalamentos dirigidos com reprodutores usados em monta controlada, ter-se-iam 1610 (33,97% da progênie) animais reconhecidamente superiores. Isto significaria 662 touros de venda a mais do que se os reprodutores fossem usados ao acaso. Visto de outra maneira, um ganho de 4,18 animais superiores por touro empregado, em relação ao uso de acasalamento ao acaso. Considerando que os mesmos animais, touros e vacas, foram utilizados em ambas as situações, este ganho pode ser atribuído ao emprego conjunto das estratégias de acasalamento dirigido e monta controlada. Igualmente, para os produtos dos acasalamentos dirigidos com os grupos de RM, seriam reconhecidos como superiores 1651 (34,83%) animais; ou 703 mais touros com CEIP do que se os mesmos reprodutores fossem utilizados ao acaso. As técnicas estratégicas de acasalamento dirigido e formação de grupos de reprodutores geneticamente semelhantes, quando utilizadas em conjunto, promoveram ganho de 4,45 animais superiores por touro empregado em relação ao uso de acasalamento ao acaso.

O fato de os índices finais encontrados para as progênies simuladas serem valores esperados (não foi considerada ainda a segregação mendeliana, a qual deverá ocorrer, e tem valor esperado zero e variância igual à metade da variância genética total), pode estar relacionado com a semelhança das distribuições observadas para os produtos dos acasalamentos dirigidos por monta controlada e com os grupos de RM, e com grande número de animais superiores apresentados por estes últimos em relação à produção por monta controlada.

#### *Análise de componentes principais*

Na Tabela 3, são apresentados os três primeiros componentes principais, que juntos explicam 76, 71 e 81% das variâncias genéticas totais existentes nos conjuntos de dados analisados das 4740

vacas, 158 touros e dos 32 grupos de reprodutores, respectivamente.

Da variação existente na população de vacas, 40% foi explicada pelo primeiro componente principal, constituído por coeficientes médios positivos para as características D160, CD, PD, MD e CS, PS e MS, indicando a existência de grande variabilidade nas vacas em precocidade, ou seja, em produzirem indivíduos pesados à desmama e com carcaças/conformação desejadas.

Explicando 25% da variância total, o segundo componente principal foi influenciado pelas características D160, CD, PD, MD e D240, CS, PS e MS, cujos coeficientes foram negativos para as características de desmama e positivos para as características de sobreano. Isto indicaria o agrupamento das vacas ao redor de dois extremos: um grupo de vacas com boas características genéticas até a desmama e outro grupo com boas características genéticas no pós-desmama. Diferenças na média do número de filhos avaliados à desmama e no pós-desmama, parte em consequência da forte seleção praticada na desmama e parte pela média de idade das vacas deste rebanho ser jovem, podem ter contribuído para este resultado. Mascioli et al. (2000) também observaram grupos genéticos destes tipos em bovinos Canchim. O terceiro componente, que explicou 11% da variância total, revelou diferenças em precocidade sexual (outros coeficientes, além do PES, influíram).

A pequena variabilidade restante na população de touros, consequência da alta pressão de seleção, torna mais complexa a interpretação dos resultados, os quais revelaram componentes principais semelhantes, em sentido e magnitude, entre os touros e grupos de reprodutores múltiplos.

O primeiro componente principal explicou 31% da variância total para o conjunto de 158 touros, e 35% para os grupos de reprodutores múltiplos. Valores extremos positivos foram observados entre todas as características à desmama em contraste com valores médios e negativos nas características ao sobreano, exceto PES, que apresentou valor quase nulo. Os resultados obtidos aqui têm relação com os relatados por Mascioli et al. (2000), cujo primeiro componente principal contrastou animais com ganhos diferenciados da desmama ao ano e do sobreano aos dois anos, com animais de ganhos diferenciados do ano ao sobreano, discriminando animais bons ganhadores de peso nas épocas favoráveis versus os em épocas desfavoráveis. Ainda existe variabilidade

Tabela 3 - Coeficientes dos componentes principais para características utilizadas na avaliação de touros, vacas e grupos de reprodutores múltiplos (RM)

Table 3 - Principal component coefficients for traits used to evaluate sires, cows and lots of multiple service sires (MS)

Característica <sup>1</sup> Trait <sup>1</sup>	Vacas Cows			Touros Sires			Grupos de RM Lots of MS		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3
D160	0,42	-0,24	0,00	0,46	0,11	-0,24	0,42	0,18	-0,30
D160									
CD	0,42	-0,25	-0,04	0,42	0,24	-0,32	0,38	0,30	-0,33
WCS									
PD	0,45	-0,20	0,00	0,36	0,36	0,25	0,33	0,39	0,30
WPS									
MD	0,44	-0,21	0,01	0,41	0,21	0,39	0,39	0,24	0,40
WMS									
D240	0,05	0,49	-0,09	-0,38	0,17	-0,30	-0,41	0,17	-0,26
D240									
CS	0,30	0,37	0,00	-0,16	0,42	-0,31	-0,25	0,40	-0,29
YCS									
PS	0,28	0,45	0,04	-0,27	0,52	0,22	-0,32	0,44	0,27
YPS									
MS	0,27	0,45	0,04	-0,24	0,47	0,28	-0,27	0,42	0,32
YMS									
PES	0,00	0,00	0,99	-0,07	-0,24	0,55	-0,03	-0,31	0,47
SC/AW									
% var. total <sup>2</sup>	40	25	11	31	23	17	35	27	19
% total variance <sup>2</sup>									

<sup>1</sup> D160, CD, PD, MD, D240, CS, PS, MS e PES são as características: dias para ganhar 160 kg do nascimento à desmama, conformação, precocidade de Terminação e musculatura, à desmama, dias para ganhar 240 kg pós-desmama, conformação, precocidade de terminação e musculatura, no sobreano, e perímetro escrotal ajustado para idade e peso, respectivamente (D160, WCS, WPS, WMS, D240, YCS, YPS, YMS and SC/AW are the traits: days to gain 160 kg from birth to weaning, conformation score, precocity or early finishing score, muscling score, at weaning, days to gain 240 kg from weaning to slaughter, conformation score, precocity or early finishing score, muscling score, at yearling, and scrotal circumference adjusted to age and weight, respectively).

<sup>2</sup> Porcentagem da variância total explicada pelo componente principal (Percentage of total variance explained by each principal component).

genética entre os touros selecionados em “CPM”, os conjuntos de escores para conformação, precocidade de terminação e musculatura, tanto na desmama quanto no sobreano, como destacado pelo segundo componente principal, que explicou 23% da variação existente para os touros e 27% para os grupos de reprodutores múltiplos.

O terceiro componente principal, refere-se às diferenças em precocidade de terminação e musculatura, além de perímetro escrotal, explicando 17% da variação total para a população de touros e 19% para os grupos de reprodutores múltiplos, e diferenciando indivíduos geneticamente encorpados ou “caixudos”, bem terminados, musculosos e de bom perímetro escrotal dos indivíduos altos, descarnados, secos e de pequenos perímetros. Roso & Fries (1995) observaram estes mesmos biotipos numa população Hereford. Estas características estariam relacionadas com maior precocidade sexual, como resultado, em anos recentes,

da intensa pressão de seleção por precocidade sexual, que tornou animais deste tipo mais frequentes. Possuem estas características muito marcadas os produtos de vacas Nelore que parem com pouco mais de dois anos.

## Conclusões

O programa desenvolvido mostrou-se capaz de utilizar a análise de conglomerados na formação de lotes uniformes de reprodutores múltiplos.

A estratégia de acasalamentos dirigidos, em conjunto com a formação de grupos de RM geneticamente semelhantes, aumentou a produção de animais superiores no rebanho.

Importantes variações em características que determinam precocidade de terminação e precocidade sexual foram observadas nos conjuntos de dados de vacas, touros e lotes de reprodutores geneticamente semelhantes.



### Literatura Citada

- BAKER, J.F.; STEWART, T.S.; LONG, C.R. et al. Multiple regression and principal components analysis of puberty and growth in cattle. **Journal of Animal Science**, v.66, n.9, p.2147-2158, 1998.
- KINGHORN, B. Key issues in breeding program design. In: KINGHORN, B.; Van der WERF, J.; RYAN, M. (Eds.) **Animal breeding. Use of new Technologies**. 1.ed. Sydney: 2000. p.141-150.
- MABERT, V.A. **An introduction to short term forecasting using the Box-Jenkins methodology**. Georgia: American Institute of Industrial Engineers, 1975. n.2, 53p.
- MASCIOLI, A.S.; FARO, L.; ALENCAR, M.M. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos e análise de componentes principais para características de crescimento na raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.1654-1660, 2000.
- MORRISON, D.F. **Multivariate Statistical Methods**, 2.ed. New York: McGraw-Hill Book Company, 1976. 415p.
- ROSO, V.M.; FRIES, L.A. Componentes principais em bovinos da raça Polled Hereford à desmama e sobreano. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.24, n.5, p.728-735, 1995.
- 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, 1998. p.359-360.
- SAS INSTITUTE INC. - SAS/STAT. **User's Guide**, 1979 Edition, Cary : SAS Institute Inc., 1979, 494 p.
- SAS INSTITUTE. **SAS statistical analysis system user's guide**. version 6.11. Cary: 1996.
- SPSS INC. **SPSS Base 10.0 Applications Guide**. 1991-1999 Edition, Chicago: SPSS, 1999. 426p.
- SUMÁRIO ALIANÇA NELORE. GenSys Consultores Associados S/C Ltda. Porto Alegre, 2000.

Recebido em: 29/06/01

Aceito em: 15/05/02