

UNIVERSIDADE FEDERAL DOS VALES DO JEQUITINHONHA E MUCURI
Programa de Pós-Graduação em Zootecnia

Clélia Soares de Assis

ANÁLISE LONGITUDINAL DO CONSUMO ALIMENTAR RESIDUAL EM
BOVINOS NELORE

Diamantina
2018

Clélia Soares de Assis

**ANÁLISE LONGITUDINAL DO CONSUMO ALIMENTAR RESIDUAL EM
BOVINOS NELORE**

Dissertação apresentada ao programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre.

Orientadora: Cristina Moreira Bonafé

Coorientador: Idalmo Garcia Pereira

**Diamantina
2018**

Elaborado com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

A848a

Assis, Clélia Soares de
Análise longitudinal do consumo alimentar residual em bovinos
Nelore / Clélia Soares de Assis, 2018.
52 p. : il.

Orientadora: Cristina Moreira Bonafê
Coorientador: Idalmo Garcia Pereira

Dissertação (Mestrado – Programa de Pós-Graduação em Zootecnia)
- Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri,
Diamantina, 2018.

1. Eficiência alimentar. 2. Gado de corte. 3. Regressão aleatória.
4. Spline. I. Bonafê, Cristina Moreira. II. Pereira, Idalmo Garcia.
III. Título. IV. Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e
Mucuri.

CDD 636

Ficha Catalográfica – Serviço de Bibliotecas/UFVJM
Bibliotecária Nádia Santos Barbosa, CRB6 – 3468.

CLÉLIA SOARES DE ASSIS

**ANÁLISE LONGITUDINAL DO CONSUMO ALIMENTAR RESIDUAL EM
BOVINOS NELORE**

Dissertação apresentada ao
MESTRADO EM ZOOTECNIA, nível
de MESTRADO como parte dos
requisitos para obtenção do título de
MAGISTER SCIENTIAE EM
ZOOTECNIA

Orientador (a): Prof.^a Dr.^a Cristina
Moreira Bonafe

Data da aprovação : 05/10/2018



Prof. Dr.^a CRISTINA MOREIRA BONAFAE - UFVJM



Prof. Dr. LUCAS LIMA VERARDO - UFVJM



Prof. Dr.^a MARIELE FREITAS SOUSA - UFVJM



Prof. Dr. IDALMO GARCIA PEREIRA - UFMG

DEDICATÓRIA

*Aos meus pais, Miguel e Maria Nilce,
Aos meus irmãos, Kleiton e Cristiane,
Ao meu esposo, Mario,*

*Que mesmo distantes sempre se fizeram
presentes.*

*Com muito amor e gratidão,
Dedico*

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM) e ao Programa de Pós-graduação em Zootecnia por me conceder a oportunidade de realizar e concluir meu Mestrado.

À Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG) pela oportunidade de realizar meu trabalho.

À CAPES pelo apoio financeiro durante a minha pós-graduação.

Aos meus orientadores, Prof^a. Dr^a. Cristina Moreira Bonafé e Prof. Dr. Idalmo Garcia Pereira, pelos ensinamentos, confiança, dedicação e orientação. Agradeço por terem me propiciado crescimento pessoal e profissional. Agradeço por todo carinho e amizade.

Aos colaboradores da Fazenda Rancho da Matinha, em especial ao Dr. Luciano Borges Ribeiro e ao Prof. Dr. José Aurélio Bergmann, pela concessão dos dados e, principalmente, por terem acreditado em meu trabalho.

Aos membros da banca, Cristina, Idalmo, Lucas e Mariele, pela disponibilidade em participarem da avaliação deste trabalho, pelas sugestões e contribuições.

Às meninas do Laboratório de Análise de Dados (LADA – UFMG), em especial, à Gabriela, à Luiza e à Virgínia, pela paciência, compreensão, carinho, respeito, acolhimento e por todo conhecimento compartilhado.

Aos colegas e amigos do Grupo de Melhoramento Animal (GMA), pelos ensinamentos e experiências compartilhados.

A todos os professores e funcionários do Departamento de Zootecnia, pelos ensinamentos e amizade.

A Deus, pelo dom da vida e por ter concedido a realização de um dos meus sonhos. Por sempre me guiar e estar ao meu lado, colocando em meu caminho pessoas abençoadas que de alguma forma contribuíram para meu crescimento pessoal e profissional.

Aos meus pais, Miguel e Maria Nilce, grandes mestres da minha vida, fonte de amor e inspiração, que sempre me mostraram a importância do sonhar, por mais que parecesse difícil e impossível a realização deste sonho.

Aos meus irmãos, Kleiton e Cristiane, por toda amizade, carinho e por sempre me colocar em suas orações.

Ao meu esposo, Mario, que com seu jeito todo peculiar sempre me faz buscar o crescimento pessoal.

Aos meus familiares e amigos, pela torcida e carinho.

“É melhor tentar e falhar do que se preocupar e ver a vida passar.
É melhor tentar, ainda que em vão, do que sentar-se fazendo nada até o final.

Eu prefiro na chuva caminhar a em dias frios em casa me esconder.

Eu prefiro ser feliz, embora louco, a viver em conformidade!

Nós não somos o que gostaríamos de ser, nós não somos o que iremos ser,

Mas graças a Deus não somos mais quem nós éramos,

Temos aprendido a voar como os pássaros, a nadar como os peixes,

Mas não aprendemos a sensível arte de viver como irmãos!

Se eu soubesse que o mundo se desintegraria amanhã ainda assim, plantaria minha macieira!

Se não puder voar... corra, se não puder correr... ande, se não puder andar... rasteje,

Mas continue em frente de qualquer jeito!!!

O que me preocupa não é o grito dos maus, e sim o inexplicável ensurdecido silêncio dos bons,

O que vale não é o quanto se vive, e sim como se vive.

Suba o primeiro degrau com fé, não é necessário que você veja toda a escada,

Apenas dê o primeiro passo.

O amor é a única força capaz de transformar um inimigo num amigo.

Se o homem ainda não descobriu algo pelo qual não está disposto a morrer,

Ainda não está pronto para viver.

Eu tenho um sonho e por ele vou lutar,

Mesmo que não aconteça eu sei que posso tentar!!!”

(Martin Luther King)

RESUMO

A estimação de parâmetros genéticos para o consumo alimentar residual (CAR) ao longo do período de teste pode propiciar a identificação dos períodos de teste em que há maior variabilidade genética. Objetivou-se ajustar um modelo de regressão aleatória com o uso de polinômios *spline* para CAR ao longo do período de avaliação, a fim de proporcionar um melhor entendimento do comportamento dos componentes de variância, bem como estimar os parâmetros e valores genéticos, e identificar os períodos de teste em que há maior variabilidade genética. Foram utilizados dados de ingestão de matéria seca e peso de 929 machos Nelore, provenientes de sete provas de desempenho com duração de 70 dias. O CAR foi avaliado em diferentes períodos de duração: 14, 28, 42, 56 e 70 dias. Para cada período de avaliação foram calculados: Ingestão de Matéria Seca (IMS), Ganho Médio em Peso Diário (GMD), Peso Vivo Metabólico (PVM^{0,75}) e Ingestão de Matéria Seca estimada (IMSe). Os componentes de variância foram estimados por meio de uma análise bayesiana, via amostragem de Gibbs. Utilizou-se modelo de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* contendo cinco nós para o ajuste da trajetória média, dos efeitos aleatórios (genéticos aditivos e ambiente permanente) e considerou-se heterogeneidade de variância residual. As estimativas de herdabilidade variaram de 0,40 a 0,50. As correlações genéticas entre os períodos reduzidos e o período completo (70 dias) foram positivas e elevadas, variando de 0,87 a 0,94. O valor do coeficiente de correlação de Spearman entre o período completo e o período de 56 dias foi de 0,94. Portanto, entre os 93 animais selecionados no período de teste reduzido para 56 dias, 77 deles seriam selecionados no período de teste de 70 dias. A resposta correlacionada para o CAR, aos 56 dias, corresponde a 85% da resposta direta aos 70 dias. Os resultados apontaram que modelos de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* podem ser empregados em estudos de eficiência alimentar em bovinos, e os testes de eficiência alimentar podem ter duração de 56 dias, sem que haja perda na predição dos valores genéticos dos tourinhos.

Palavras chave: Eficiência alimentar. Gado de corte. Regressão aleatória. Spline.

ABSTRACT

The estimation of genetic parameters for residual feed intake (RFI) during performance test may allow the identification of test periods in which there is greater genetic variability. The objective of this study was to adjust a random regression model with the use of spline polynomials for RFI over the evaluation period, in order to provide a better understanding of the behavior of variance components, as well as to estimate genetic parameters and values, and identify the test periods in which there is greater genetic variability. Data of dry matter intake and weight of 929 Nelore males were used, from seven performance tests with durations of 70 days. Ingestion data were used of dry matter and weight of 929 male Nelore, from seven performance tests with duration of 70 days. The RFI was evaluated in different periods of duration: 14, 28, 42, 56 and 70 days. For each evaluation period, Dry matter intake (DMI), Average Daily Gain (ADG), Metabolic Weight (MBW) and Estimated Dry Matter Intake (DMI_e) were calculated. The variance components were estimated by Bayesian analysis via Gibbs sampling. A random regression animal model with linear spline polynomials containing five nodes was used to adjust the mean trajectory, random effects (additive genetic and permanent environment), and heterogeneity of residual variance was considered. Heritability estimates ranged from 0,40 to 0,50. Genetic correlations between reduced periods and the whole period (70 days) were positive and high, varying from 0,87 to 0,94. The Spearman's correlation coefficient values between the full period and the 56 day period was 0,94. Therefore, among the 93 animals selected in the reduced test period for 56 days, 77 of them would be selected in the 70-day test period. The correlated response for CAR at 56 days corresponds to 85% of the direct response at 70 days. The results showed that random regression models with linear polynomials of the spline type can be used in studies of feed efficiency in cattle, and feed efficiency tests can be 56 days in length, without loss in genetic values prediction of young bulls.

Keywords: Beef cattle. Feed efficiency. Random regression. Spline.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Relação entre consumo observado e consumo estimado de novilhos Nelore em confinamento, destacando dois animais de Consumo Alimentar Residual (CAR) extremos.22
- Figura 2 - Estimativas dos parâmetros genéticos e intervalos de alta densidade com 95% de confiança (cinza) para o modelo de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* em bovinos Nelore. As marcas no eixo x representam os pontos (dias) onde foram posicionados os nós.....42

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Estatística descritiva relacionada à eficiência alimentar em testes de desempenho de bovinos Nelore.....	38
Tabela 2 - Médias a <i>posteriori</i> e limites de alta densidade com 95% das variâncias genéticas aditivas diretas (σ_a^2), residual (σ_e^2), fenotípica (σ_p^2), e das herdabilidades (h^2) para o consumo alimentar residual aos 14, 28, 42, 56 e 70 dias em bovinos Nelore.	43
Tabela 3 - Médias a <i>posteriori</i> e limites de alta densidade com 95% das amostras (entre parênteses) das correlações genéticas aditivas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) entre os diferentes períodos de teste.	45
Tabela 4 - Correlação de Spearman – valores de coeficientes (acima da diagonal), e de p-valor (abaixo da diagonal), para o consumo alimentar residual aos 14, 28, 42, 56 e 70 dias em bovinos Nelore.	46
Tabela 5 - Ranqueamento dos 10% dos animais superiores – número de animais em comum (acima da diagonal), e porcentagem em comum (abaixo da diagonal), para o consumo alimentar residual aos 14, 28, 42, 56 e 70 dias em bovinos Nelore.	47
Tabela 6 - Médias a <i>posteriori</i> e intervalos de alta densidade (95%) das comparações entre respostas correlacionadas e respostas diretas para o consumo alimentar residual aos 14, 28, 42 e 56 dias em bovinos Nelore.	48

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL	19
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	21
2.1 Consumo Alimentar Residual (CAR)	21
2.2 Modelos de Regressão Aleatória (MRA)	24
2.3 Funções <i>Spline</i>.....	25
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	29
3 ARTIGO – ANÁLISE LONGITUDINAL DO CONSUMO ALIMENTAR RESIDUAL EM BOVINOS NELORE	35
3.1 INTRODUÇÃO	35
3.2 MATERIAL E MÉTODOS.....	37
3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	42
3.4 CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	49
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	50

1 INTRODUÇÃO GERAL

A pecuária é uma das atividades econômicas de grande expressividade do Produto Interno Bruto (PIB) brasileiro. Em 2016, a atividade pecuária correspondeu a 31% do PIB do agronegócio, o qual representou 24% do PIB total. O rebanho bovino brasileiro estimado em 2016 possuía 219 milhões de cabeças, e produziu 9,14 milhões de toneladas equivalente carcaça proveniente de 36,9 milhões de bois abatidos (ABIEC, 2017). Ainda a produção de carne brasileira é marcadamente caracterizada por ter sua produção baseada em sistemas de criação a pasto com predomínio de animais de origem zebuína (*Bos taurus indicus*), representando cerca de 80% do rebanho, sendo que 90% destes apresentam genes da raça Nelore (ABCZ, 2015).

Os custos com alimentação configuram os maiores gargalos inerentes à bovinocultura de corte, representando cerca de 70% dos custos totais da fazenda (CERVIERI; CARVALHO; MARTINS, 2009), requerendo dos pecuaristas uma maior eficiência do manejo alimentar e a criação de animais mais eficientes para o uso dos nutrientes.

Alguns indicadores da eficiência na utilização dos nutrientes pelos animais, descritos na literatura, são baseados em informações de consumo e pesagens (GRION et al., 2014), dentre eles destacam-se a conversão alimentar e a eficiência alimentar. Contudo, Archer et al. (1999) evidenciaram a existência de associação entre estes índices e o incremento no peso adulto dos animais, o que pode acarretar em elevação dos custos de manutenção do rebanho com consequente redução na eficiência de utilização de insumos.

O consumo alimentar residual (CAR) tem se destacado entre as demais metodologias de avaliação da eficiência de utilização dos alimentos por ser independente de tamanho, peso vivo ou taxas de ganho dos animais (CASTILHOS et al., 2010). De acordo com Koch et al. (1963), o CAR pode ser definido pela diferença entre o consumo observado e consumo estimado, via ajustes para peso médio metabólico (PMM) e taxa de ganho médio em peso por dia (GMD, kg/dia).

O CAR é uma medida de eficiência alimentar que pode ser avaliada ao longo do período produtivo do animal, sendo, portanto, considerado como dado longitudinal. Os modelos de regressão aleatória (MRA) são, usualmente, empregados para modelagem de dados longitudinais (MEYER, 2005), pois utiliza todas as informações disponíveis dos animais (MOTA et al., 2013a), bem como, permite estimar e prever parâmetros e valores genéticos para qualquer período desejado por meio de funções de covariância. As funções de

covariância são mais adequadamente estimadas por funções *splines* (SILVA et al., 2012), as quais possibilitam uma estimação mais simples dos parâmetros genéticos (SCHUMAKER, 2007), bem como a redução da multicolinearidade (HASTIE; TIBSHIRANI; FRIEDMAN, 2009). Segundo Schaeffer (2004), provavelmente, a utilização de funções *splines* para modelar características de crescimento em bovinos de corte acarretaria em maiores vantagens em comparação ao seu emprego na modelagem da curva de produção em bovinos leiteiros.

O emprego de modelos de regressão aleatória visando a estimação de parâmetros genéticos para o CAR ao longo do período de teste possibilitará estudar o comportamento dos componentes de variância, estimar os parâmetros e valores genéticos e identificar os períodos de teste em que há maior variabilidade genética.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Consumo Alimentar Residual (CAR)

O consumo alimentar residual (CAR) é definido como sendo a diferença entre o consumo observado (consumo real) e o consumo estimado para um mesmo nível de produção (KOCH et al., 1963). O CAR se destaca por ser um parâmetro capaz de mensurar a eficiência do aproveitamento de alimentos, além de propiciar a redução dos custos com alimentação, sem modificar negativamente a produtividade, pois é fenotipicamente independente do peso corporal e da taxa de crescimento do animal (KOCH et al., 1963). O resíduo oriundo da diferença entre o consumo real e o predito é fenotipicamente independente da taxa de crescimento, diferente do que ocorre com as taxas de conversão alimentar (ARCHER et al., 2002).

Archer et al. (1997); Arthur; Renand; Krauss (2001); Crews et al. (2006) empregaram a abordagem de regressão fenotípica no intuito de identificar a demanda de alimento pelo animal, por meio de ajustes para peso vivo metabólico (PVM) e taxa de ganho médio em peso por dia (GMD, kg/dia) (SAINZ et al., 2006). O modelo estatístico proposto para se estimar o CAR pode ser apresentado como segue:

$$CMS_{est_i} = \beta_0 + \beta_1 (PVM_i^{0,75}) + \beta_2 (GMD_i) + \varepsilon_{(CAR)_i},$$

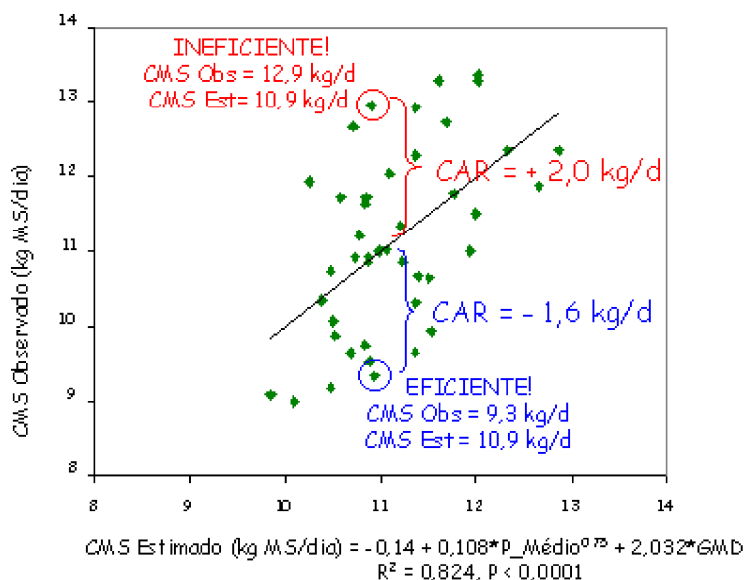
em que: CMS_{est_i} , representa o consumo de matéria seca estimado; β_0 , o intercepto; β_1 , o efeito do peso médio metabólico; $PVM_i^{0,75}$, o peso vivo metabólico; β_2 , o efeito do ganho médio diário; GMD_i , o ganho médio diário; e $\varepsilon_{(CAR)_i}$, o resíduo aleatório que representa o consumo alimentar residual.

De acordo com Sainz et al. (2006), animais considerados eficientes apresentam CAR negativo, pois consomem menos do que o esperado para o mesmo ganho em peso. Assim, animais com mesmo GMD podem apresentar variação no consumo de alimentos, abaixo ou acima do esperado. Ademais, animais eficientes apresentam menor espessura de gordura subcutânea e seu desempenho é similar ou maior quando comparados aos animais de CAR positivo (RICHARDSON & HERD, 2004).

Lanna & Almeida (2004) ao trabalharem com novilhos Nelore observaram que dois animais apresentando ganhos diários e pesos vivos médios semelhantes, possuíam

consumo de matéria seca (CMS) estimado análogo (~10,9 kg/dia). Entretanto, o CMS observado pode ser bem distinto do predito, conforme pode ser observado na Figura 1.

Figura 1 - Relação entre consumo observado e consumo estimado de novilhos Nelore em confinamento, destacando dois animais de Consumo Alimentar Residual (CAR) extremos.



Fonte: Lanna & Almeida (2004).

Castro Bulle et al. (2007) relataram diferenças de 15,3% no CMS entre animais alto e baixo CAR. Ao avaliarem 60 machos da raça Nelore com idade média de 309 dias, em teste de 70 dias, Del Claro; Mercadante; Silva (2012), encontraram diferença de 12% no CMS entre animais de alto e baixo CAR. Kelly et al. (2010) mencionaram diferença de 2,87 kg MS/dia entre animais mais eficientes e menos eficientes. Neto et al. (2014), em um estudo utilizando 121 machos da raça Nelore com idade média de 211 dias, obtiveram 4% de diferenças fenotípicas para o CMS entre os animais baixo e alto CAR.

De acordo com Herd; Oddy; Richardson (2004), filhos de touros que apresentam uma taxa de crescimento superior, sem que haja elevação no consumo de matéria seca, são obtidos com touros com diferença esperada na progênie (DEP) para CAR negativo. A utilização de touros mais eficientes propicia a obtenção de descendentes também mais eficientes (ARCHER et al., 2002). Desse modo, a seleção de animais mais eficientes no uso de alimentos é de fundamental importância para a atividade pecuária de corte, pois sua

lucratividade está mais associada aos animais mais eficientes na conversão do alimento em carne do que aos que apresentam melhores ganhos de peso (REIS, 2009).

O CAR é uma medida de eficiência alimentar que apresenta variabilidade genética, a qual pode ser empregada na identificação e seleção de animais mais eficientes na utilização dos nutrientes. Em geral, as estimativas de herdabilidades são moderadas a altas, oscilando de 0,08 para machos mestiços da raça Holandesa e Pardo Suíço (JENSEN et al., 1992) até 0,68 para bovinos da raça Charolês (MAO et al., 2013).

Avaliando 2058 bovinos da raça Nelore, machos e fêmeas, Polizel et al. (2018) encontraram estimativas de herdabilidade para o CAR de 0,28. Os autores destacaram que é viável o emprego do CAR em programas de melhoramento da raça Nelore de forma a propiciar a redução do consumo de ração sem perda de desempenho. Santana et al. (2014) avaliando características de eficiência alimentar em 1038 machos Nelore, castrados e não castrados, concluíram que, diante da estimativa de herdabilidade de 0,38 para o CAR, é possível a inserção desta característica em programas de melhoramento de bovinos Nelore.

Na literatura são encontrados valores de variâncias bastante amplos, sendo que para animais da raça Nelore há estimativas de variâncias genética e residual variando de 0,04 e 0,08 (GRION et al., 2014) a 0,75 e 0,30 (MORAES, 2016; GRIGOLETTO et al., 2017), respectivamente. Archer et al. (1997), em um estudo avaliando o tempo ideal de duração de teste para avaliação do CAR em bovinos, estimaram componentes de variância comparando períodos de teste mais curtos com um teste com duração de 119 dias. Os autores observaram uma oscilação das variâncias genética, ambiental e fenotípica, reduzindo de 0,30; 0,57; e 0,87 aos sete dias para 0,22; 0,13; e 0,40 aos 70 dias, respectivamente. Após esse período houve uma estabilização das variâncias. Diante dos resultados encontrados os autores concluíram que um período de teste com 70 dias de duração é suficiente para avaliar o CAR.

Em um experimento para avaliar a eficiência alimentar de cinco raças, Angus, Hereford, Simental, Africander e Bonsmara, Archer & Bergh (2000) observaram uma estabilização das variâncias residuais aos 70 dias para as raças Africander, Angus e Bonsmara, após 84 dias para Simental e Hereford. Em outro experimento realizado com 456 animais cruzados Wang et al. (2006) verificaram que as estimativas de variâncias fenotípicas reduziram consideravelmente no início do período de avaliação e estabilizaram após 63 dias de teste. Os autores ressaltaram que decisões baseadas nas alterações das variâncias ao longo do período de teste não são afetadas por dados correlacionados, sendo, portanto, um critério fundamental na tomada de decisão.

2.2 Modelos de Regressão Aleatória (MRA)

Os modelos de regressão aleatória foram propostos por Henderson Jr. (1982), com o objetivo de analisar dados contínuos, e têm sido comumente empregados em programas de melhoramento genético de bovinos (PEREIRA et al., 2011). Tais modelos se destacam como um procedimento para modelagem de características longitudinais que utiliza todas as informações disponíveis dos animais (MOTA et al., 2013a). Além disso, as medidas repetidas no mesmo indivíduo são adaptadas para características que se alteram, gradualmente e de forma contínua, ao longo do tempo, não necessitando que sejam feitas suposições acerca da invariabilidade de variâncias e correlações (MEYER, 2005).

Em estudos realizados para avaliar o crescimento de bovinos de corte, o emprego de MRA propiciou a estimação de componentes de variância em qualquer idade analisada (DIAS et al., 2006). Segundo Toral; Alencar; Freitas (2009) e Baldi; Alencar; Albuquerque (2010), os MRA têm sido empregados na modelagem de características de crescimento de bovinos de corte, pois permitem estimar e prever parâmetros genéticos em todas as idades dentro do período considerado no estudo, mesmo que determinada idade não tenha sido avaliada no animal. Assim como no crescimento corporal de bovinos de corte, os MRA têm sido amplamente empregados no melhoramento animal de bovinos leiteiros com o objetivo de modelar registros diários de produção de leite durante a lactação (BOLIGON et al., 2010; MOTA, 2012; MOTA et al., 2013a, 2013b; NOBRE et al., 2003; NOBRE; ROSA; SILVA, 2009).

Avaliando características longitudinais, os MRA são adequados para prever valores genéticos com possível elevação da acurácia, se destacando como uma importante ferramenta para prever o valor genético dos animais (DIAS et al., 2005; MEYER, 2004; SARMENTO et al., 2006). Silva et al. (2012) e Mota et al. (2013b) ressaltaram que os MRA possibilitam ponderar alterações na média e variâncias da característica no decorrer do tempo, bem como, estimar a covariância entre os diferentes pares de pontos na trajetória através das funções de covariância. Funções contínuas que viabilizam a estimação de variâncias e de covariâncias de determinada característica mensurada em distintos pontos de uma trajetória são denominadas de funções de covariância (SOUZA et al., 2011).

Funções de covariâncias foram propostas por Kirkpatrick; Lofsvold; Bulmer (1990) para modelagem de dados longitudinais. Tais funções correspondem a uma função contínua que estima as covariâncias nos diversos pontos de determinada trajetória (SOUZA et

al., 2011), além de verificar a ocorrência de padrões de covariância associados a modificações da característica no decorrer do tempo, não requerendo ajuste das medidas para uma idade padrão (SILVA et al., 2013). As funções de covariâncias propiciam obter a descrição das alterações gradativas das covariâncias ao longo da trajetória, além de estimativas de variâncias e de covariâncias nos diversos pontos de uma trajetória, sem desconsiderar heterogeneidade de variâncias residuais em cada dia da coleta dos dados (MEYER, 1998; VAN DER WERF & SCHAEFFER, 1997).

As funções de covariância são indicadoras do comportamento da curva de características longitudinais em um determinado ponto, visto que denotam a correlação estatística entre duas características de uma trajetória em pontos distintos (SOUZA & SÁ, 2008). Por isso tais funções são amplamente recomendadas como uma alternativa na modelagem de dados longitudinais via modelos de regressão aleatória (DIONELLO et al., 2008; PALHARIM et al., 2013).

Diversos autores relataram que o emprego dos MRA e das funções de covariância propiciam a obtenção, de maneira mais acurada, da estrutura de covariância das características, para qualquer ponto desejado, ao longo da trajetória em que foram feitas as mensurações (ASSIS et al., 2006; DE RESENDE; REZENDE; FERNANDES, 2001; EL FARO; CARDOSO; DE ALBUQUERQUE, 2008; SANTORO et al., 2005). Além disso, o uso dos MRA permite o ajuste individual das curvas aleatórias (regressão aleatória) representada como desvio a partir da curva média da população (regressão fixa) (BIGNARDI et al., 2009; EL FARO & ALBUQUERQUE, 2003; HURTADO-LUGO et al., 2013).

Para Silva et al. (2012), os modelos de regressão aleatória podem ser entendidos como um modelo singular de funções de covariância, as quais são mais apropriadamente estimadas via polinômios ortogonais. Entre estes, destacam-se as funções *splines* que são constituídas por polinômios segmentados independentes, unidos por nós e que permitem a diminuição da multicolinearidade (HASTIE; TIBSHIRANI; FRIEDMAN, 2009). O emprego de polinômios *splines*, tem sido proposto como uma opção para ajustar as funções de covariância e modelar as trajetórias médias de crescimento (MENEZES et al., 2011).

2.3 Funções *Spline*

As “funções *splines*” foram inseridas, inicialmente, por Schoenberg, em 1946 (SCHUMAKER, 2007) e são definidas como funções de regressão composta por segmentos

de polinômios de grau n , conectados de forma a ter derivadas contínuas de grau $n-1$, sendo os pontos de conexão denominados de nós (BIGNARDI et al., 2011; RICE, 1969). De acordo com Ruppert; Wand; Carroll (2003), uma função *spline* pode ser descrita da seguinte maneira:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 t_i + \sum_k \beta_{1k} (t_i - T_k)_+ + \varepsilon_i,$$

em que y_i representa as observações; t_i as medidas repetidas com $i=1, \dots, n$, e assumindo os nós T_k ; β_0 e β_1 denotam o intercepto e o coeficiente de regressão linear, respectivamente; ε_i é o resíduo pertencente a y_i e $(x)_+ = \max(0, x)$ igual a x se x é positivo, caso contrário igual a 0, onde $x = t_i - T_k$. Como resultado, tem-se uma inclinação de β_1 para o primeiro segmento, para $t_i \leq T_1$, uma inclinação de $\beta_1 + \beta_{11}$ para o segundo segmento, com $T_1 \leq t_i \leq T_2$, e uma inclinação de $\beta_1 + \sum_{k=1}^m \beta_{1k}$ para o segmento limitado entre T_m e T_{m+1} . Para *spline* de segmentos de polinômios de grau p , a equação anterior é expandida para:

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 t_i + \dots + \beta_p t_i^p + \sum_k \beta_{pk} (t_i - T_k)_+^p + \varepsilon_i,$$

em que β_p é o p -ésimo coeficiente de regressão.

A relação entre CAR e tempo pode ser descrita via função *spline*, a qual estima os parâmetros de determinado modelo com ajustes locais para cada segmento. O emprego de função *spline* se destaca por permitir o ajuste de funções que descrevam o CAR do animal para cada intervalo de tempo considerado. Misztal (2006) ressaltou que o emprego de uma função *spline* proporciona uma maior facilidade na estimação dos parâmetros genéticos, além de obter melhores propriedades numéricas, haja vista que cada coeficiente intervém apenas na parte da trajetória que está em estudo. Além disso, via conhecimento prévio do pesquisador acerca do fenômeno em estudo, ou através do uso de diagramas e médias, poderão ser definidas as posições dos nós segundo o padrão das mudanças ao longo da trajetória.

Segundo Schumaker (2007) os segmentos tipo *splines* caracterizam-se por propiciar uma estimação mais simples (linear nos parâmetros) e fácil interpretação biológica, além de viabilizar a diminuição da multicolinearidade ao reduzir o fator de inflação da variância e o viés dos estimadores, o que acarreta na elevação da confiabilidade dos valores estimados. Adicionalmente, apresenta a vantagem de independência das variáveis de determinada região em relação à outra, ou seja, uma alteração em um ponto específico insere apenas uma modificação local, deixando inalterado o restante da curva (MEYER, 2005; SCHENKEL, 1989).

A função *spline* linear apresenta uma metodologia de mais fácil aplicação quando comparada com a função *spline* cúbica, sendo empregada em face da necessidade de tornar a análise a mais simples possível. Entretanto, diante de um elevado número de parâmetros a serem estimados há um aumento da complexidade do modelo (BOHMANOVA et al., 2008; JAMROZIK; BOHMANOVA; SCHAEFFER, 2010).

A apropriada predição das covariâncias entre os coeficientes dos polinômios é dependente do grau dos polinômios, do número e disposição dos nós. Bohmanova; Misztal; Bertrand (2005), ressaltaram que para predizer uma função mais suave e acurada possível com elevação da correlação entre os nós, é necessário o emprego de um maior número de nós. Bohmanova et al. (2008), em estudos utilizando vacas Holandesas no Canadá, demonstraram a superioridade do modelo que utilizava funções *splines* lineares com seis nós quando comparado com os modelos que continham quatro e cinco nós.

As funções *splines* têm sido empregadas nas mais diversas áreas, como engenharia, ciências agrárias, computação e arquitetura. Em programas de melhoramento de bovinos de corte, as funções *splines* têm sido aplicadas para descrever a variação genética do crescimento (IWAISAKI et al., 2005; MEYER, 2005), bem como para avaliar tendências genéticas e fenotípicas de características de desenvolvimento ponderal em bovinos da raça Nelore (MALHADO et al., 2008).

Iwaisaki et al. (2005) empregando MRA com polinômios segmentados do tipo *spline* para avaliar a curva de crescimento de bovinos de corte, observaram que, em comparação aos modelos com polinômios ortogonais de Legendre, os resultados obtidos com os modelos empregando polinômios segmentados do tipo *spline* mostraram-se mais robustos contra os problemas de ajuste nos extremos dos dados. Os autores ainda destacaram a superioridade das funções *splines*, as quais propiciam maior equilíbrio entre detalhamento do modelo, número de parâmetros a serem estimados, razoabilidade das estimativas e qualidade de ajuste. Begli et al. (2016), avaliando o ajuste de modelos *splines* para peso corporal, ingestão de ração e consumo alimentar residual em galinhas F2, verificaram que o modelo *spline* captou variação genética na curva para as características em análise, sugerindo que o uso de MRA é capaz de proporcionar uma adequada descrição dos dados analisados.

Ribeiro et al. (2017) realizaram um estudo visando verificar a adequabilidade de modelos de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* para a obtenção de parâmetros genéticos para as características produtivas e reprodutivas em populações multirraciais de bovinos leiteiros, e os resultados foram comparados com aqueles obtidos com

modelos multicaracterísticos. Os autores concluíram que, os modelos com polinômios *spline* devem ser preferidos por se adequarem as limitações dos modelos multicaracterísticos, visto que propiciam a avaliação de um maior número de grupos genéticos, e evitam o descarte de registros que estão fora das usuais faixas de mensurações.

O emprego de polinômios lineares do tipo *spline* para análise da duração de teste para consumo alimentar residual pode viabilizar a obtenção de informações cruciais para Programas de Melhoramento Animal. Estes podem propiciar a identificação de indivíduos superiores e otimização do uso das informações disponíveis, o que, conseqüentemente, poderá resultar no uso mais eficiente de todos os recursos disponíveis para o desenvolvimento da atividade pecuária.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU. Disponível em: <http://www.abcz.org.br/conteudo/tecnica/cdp.html>. Acesso em 03 abr. 2018.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNE. Disponível em: <http://abiec.siteoficial.ws/images/upload/sumario-pt-010217.pdf>. Acesso em 03 abr. 2018.
- ARCHER, J. A. et al. Optimum Postweaning Test for Measurement of Growth Rate, Feed Intake, and Feed Efficiency in British Breed Cattle. **Journal of Animal Science**, 1997.
- ARCHER, J. A. et al. Potential for selection to improve efficiency of feed use in beef cattle: a review. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 50, n. 2, p. 147–162, 1999.
- ARCHER, J. A. et al. Genetic variation in feed intake and efficiency of mature beef cows and relationships with postweaning measurements. In: Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 19-23, 2002, Montpellier, France. **Anais...2002**. CD-Rom.
- ARCHER, J. A.; BERGH, L. Duration of performance tests for growth rate, feed intake and feed efficiency in four biological types of beef cattle. **Livestock Production Science**, v. 65, n. 1–2, p. 47–55, 2000.
- ARTHUR, P. F.; RENAND, G.; KRAUSS, D. Genetic and phenotypic relationships among different measures of growth and feed efficiency in young Charolais bulls. **Livestock Production Science**, v. 68, n. 2, p. 131–139, 2001.
- ASSIS, G. M. L. DE et al. Estimação de parâmetros genéticos em caprinos leiteiros por meio de análise de regressão aleatória utilizando-se a Amostragem de Gibbs. **Revista Brasileira de Zootecnia**, p. 706–714, 2006.
- BALDI, F.; ALENCAR, M. M.; ALBUQUERQUE, L. G. DE. Random regression analyses using B-splines functions to model growth from birth to adult age in Canchim cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 127, n. 6, p. 433–441, 2010.
- BGLI, H. E. et al. Longitudinal analysis of body weight, feed intake and residual feed intake in F2 chickens. **Livestock Science**, v. 184, p. 28–34, 2016.
- BIGNARDI, A. B. et al. Random regression models using different functions to model test-day milk yield of Brazilian Holstein cows. **Genetics and molecular research : GMR**, v. 10, n. 4, p. 3565–75, 2011.
- BIGNARDI, A. B. et al. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. **Livestock Science**, v. 123, n. 1, p. 1–7, 2009.
- BOHMANOVA, J. et al. Comparison of Random Regression Models with Legendre

Polynomials and Linear Splines for Production Traits and Somatic Cell Score of Canadian Holstein Cows. **Journal of Dairy Science**, 2008.

BOHMANOVA, J.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J. K. Studies on multiple trait and random regression models for genetic evaluation of beef cattle for growth. **Journal of Animal Science**, v. 83, n. 1, p. 62–67, 2005.

BOLIGON, A. A. et al. Covariance functions for body weight from birth to maturity in Nellore cows. **Journal of Animal Science**, v. 88, n. 3, p. 849–859, 2010.

CASTILHOS, A. M. DE et al. Feed efficiency of Nellore cattle selected for postweaning weight. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 11, p. 2486–2493, 2010.

CASTRO BULLE, F. C. P. et al. Growth, carcass quality, and protein and energy metabolism in beef cattle with different growth potentials and residual feed intakes. **Journal of Animal Science**, v. 85, n. 4, p. 928–936, 2007.

CERVIERI, R. C.; CARVALHO, J. C. F.; MARTINS, C. L. Evolução do manejo nutricional nos confinamentos brasileiros: importância da utilização de subprodutos da agroindústria em dietas de maior inclusão de concentrado. **Simpósio Internacional de Nutrição de Ruminantes**, v. 2, n. 2009, p. 2–22, 2009.

CREWS, D. H. J. et al. C Selection S : A Multiple Trait Index Including Feed. v. 22, p. 65–70, 2006.

DE RESENDE, M. D. V.; REZENDE, G. D. S. P.; FERNANDES, J. S. C. Regressão aleatória e funções de covariância na análise de medidas repetidas. **Rev. Mat. Estat**, v. 19, p. 21–40, 2001.

DEL CLARO, A. C.; MERCADANTE, M. E. Z.; SILVA, J. A. II V. Meta-análise de parâmetros genéticos relacionados ao consumo alimentar residual e a suas características componentes em bovinos. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, v. 47, n. 2, p. 302–310, Feb. 2012.

DIAS, L. T. et al. Estimação de parâmetros genéticos para peso em diferentes idades para animais da raça Tabapuã Estimation of genetic parameters for weight in different ages in Tabapuã cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n. 6, p. 1914–1919, 2005.

DIAS, L. T. et al. Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, p. 1915–1925, 2006.

DIONELLO, N. J. L. et al. Estimativas da trajetória genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 60, n. 2, p. 454–460, 2008.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L. G. DE. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, p. 1104–1113, 2003.

EL FARO, L.; CARDOSO, V. L.; DE ALBUQUERQUE, L. G. Variance component estimates for test-day milk yield applying random regression models. **Genet. Mol. Biol.**, v. 33, n. 3, p. 665–673, 2008.

GRIGOLETTO, L. et al. Genetic contribution of cytoplasmic lineage effect on feed efficiency in Nellore cattle. **Livestock Science**, v. 198, n. August 2016, p. 52–57, 2017.

GRION, A. L. et al. Selection for feed efficiency traits and correlated genetic responses in feed intake and weight gain of Nellore cattle. **Journal of Animal Science**, v. 92, n. 3, p. 955–965, 2014.

HASTIE, T.; TIBSHIRANI, R.; FRIEDMAN, J. Unsuperised learning. In: **The Elements of Statistical Learning**. Springer, New York, NY, 2009. p. 485-585.

HENDERSON JR, C. R. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, nonhomogeneous, and random regressions. **Biometrics**, p. 623–640, 1982.

HERD, R. M.; ODDY, V. H.; RICHARDSON, E. C. Biological basis for variation in residual feed intake in beef cattle. 1. Review of potential mechanisms. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v. 44, n. 5, p. 423–430, 2004.

HURTADO-LUGO, N. A. et al. Estimation of genetic parameters for test-day milk yield in first calving buffaloes. **Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias**, v. 26, n. 3, p. 177–185, 2013.

IWAISAKI, H. et al. Genetic parameters estimated with multitrait and linear spline-random regression models using Gelbvieh early growth data. **Journal of Animal Science**, 2005.

JAMROZIK, J.; BOHMANOVA, J.; SCHAEFFER, L. R. Selection of locations of knots for linear splines in random regression test-day models. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 2010.

JENSEN, J. et al. Phenotypic and genetic relationships between residual energy intake and growth, feed intake, and carcass traits of young bulls. **Journal of animal science**, 1992.

KELLY, A. K. et al. Repeatability of feed efficiency, carcass ultrasound, feeding behavior, and blood metabolic variables in finishing heifers divergently selected for residual feed intake. **Journal of animal science**, v. 88, n. 10, p. 3214–3225, 2010.

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, v. 124, n. 4, p. 979–993, 1990.

KOCH, R. M. et al. Efficiency of feed use in beef cattle. **Journal of animal science**, v. 22, n. 2, p. 486–494, 1963.

LANNA, D. P.; ALMEIDA, R. D. E. Residual Feed Intake : Um Novo Critério De Seleção? **V Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal**, n. 1963, 2004.

MALHADO, C. H. M. et al. Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no Estado da Bahia. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 43, n. 9, p. 1163-1169, 2008.

MAO, F. et al. Phenotypic and genetic relationships of feed efficiency with growth performance, ultrasound, and carcass merit traits in Angus and Charolais steers¹. **Journal of Animal Science**, v. 91, n. 5, p. 2067–2076, 2013.

MENEZES, G. R. O. et al. Modelo de regressão aleatória usando polinômios segmentados do tipo B no estudo da curva de crescimento em bovinos da raça Tabapuã. **REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA**, v. 48, 2011.

MEYER, K. "DxMrr" - A program to estimate covariance functions for longitudinal data by restricted maximum likelihood. v. 27, n. March, p. 465–466, 1998.

MEYER, K. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. **Livestock Production Science**, v. 86, n. 1, p. 69–83, 2004.

MEYER, K. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. **Genetics Selection Evolution**, v. 37, n. 6, p. 473, 2005.

MISZTAL, I. Properties of random regression models using linear splines. **Journal of animal breeding and genetics = Zeitschrift für Tierzüchtung und Züchtungsbiologie**, v. 123, n. 2, p. 74–80, 2006.

MORAES, G. F. D. Estudo genético do consumo alimentar residual e características produtivas e reprodutivas em um rebanho nelore. 57p. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Uberlândia. Brasil, 2016.

MOTA, R. R. Avaliação genética do crescimento de bovinos da raça simental utilizando modelos multicaracterísticos e de regressão aleatória Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia. 2012.

MOTA, R. R. et al. Genetic evaluation using multi-trait and random regression models in Simmental beef cattle. **Genetics and Molecular Research**, p. 2465–2480, 2013a.

MOTA, R. R. et al. Random regression models in the evaluation of the growth curve of Simbrasil beef cattle. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, n. 1, p. 528–536, 2013b.

NETO, A. P. et al. Animal performance, feeding behaviour and carcass traits of feedlot cattle diet fed with agro-industrial by-product as fat source. **Journal of Agricultural Science**, v. 6, n. 6, p. 54, 2014.

NOBRE, P. R. C. et al. Analyses of growth curves of Nelore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal of animal science**, v. 81, n. 4, p. 918–926, 2003.

NOBRE, P. R. C.; ROSA, A. N.; SILVA, L. O. C. Genetic evaluation for large data sets by random regression models in Nelore cattle. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 61, n. 4, p. 959–967, 2009.

PALHARIM, D. A. et al. Heritability estimates for weight gain in Nelore in Mato Grosso state, using model of infinite dimension. **Scientific Electronic Archives**, v. 3, n. 2, p. 59–62, 2013.

PEREIRA, R. J. et al. Funções de covariância para produção de leite no dia do controle em bovinos Gir leiteiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 11, p. 1303–1311, 2011.

POLIZEL, G. H. G. et al. Genetic correlations and heritability estimates for dry matter intake, weight gain and feed efficiency of Nelore cattle in feedlot. **Livestock Science**, v. 214, p. 209–210, 1 ago. 2018.

REIS, S. F. Características de crescimento e qualidade da carne de novilhas de corte de diferentes classes de consumo alimentar residual. **Viçosa: Universidade Federal de Viçosa**, 2009.

RIBEIRO, V. M. P. et al. Genetic analysis of productive and reproductive traits in multiple-breed dairy cattle populations. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 52, n. 11, p. 1109–1117, 2017.

RICE, J. R. The approximation of functions. 1969.

RICHARDSON, E. C.; HERD, R. M. Biological basis for variation in residual feed intake in beef cattle. 2. Synthesis of results following divergent selection. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v. 44, n. 5, p. 431–440, 2004.

RUPPERT, D.; WAND, M. P.; CARROLL, R. J. Semiparametric regression during 2003–2007. **Electronic Journal of Statistics**, v. 14, n. 4, p. 384–399, 2003.

SAINZ, R. D. et al. **Carcass composition and visceral organs are similar at harvest in low-and high-residual feed intake groups of Angus-Hereford steers**. PROCEEDINGS-AMERICAN SOCIETY OF ANIMAL SCIENCE WESTERN SECTION. **Anais...**2006

SANTANA, M. H. A. et al. Genetic parameter estimates for feed efficiency and dry matter intake and their association with growth and carcass traits in Nelore cattle. **Livestock Science**, v. 167, n. 1, p. 80–85, 2014.

SANTORO, K. R. et al. Uso de funções de covariância na descrição do crescimento de bovinos Nelore criados no Estado de Pernambuco. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n. 6, p. 2290–2297, 2005.

SARMENTO, J. L. R. et al. Avaliação genética de caprinos da raça Alpina utilizando-se a produção de leite no dia do controle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, p. 443–451, 2006.

SCHAEFFER, L. R. Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science**, 2004.

SCHENKEL, F. S. Utilização de polinômios segmentados na pesquisa zootécnica (considerações teóricas e práticas). **Universidade Federal do Rio Grande do Sul--Faculdade de Agronomia--Departamento de Zootecnia, Seminário em Zootecnia, Porto**

Alegre-RS, 1989.

SCHUMAKER, L. **Spline functions: basic theory**. Cambridge University Press, 2007.

SILVA, R. M. DA et al. Parâmetros e tendências genéticas para pesos de várias idades em bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 14, n. 1, p. 21–28, 2013.

SILVA, J. A. D. V. et al. Análise genética de características de crescimento e perímetro escrotal em bovinos da raça Brangus. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 8, p. 1166–1173, 2012.

SOUZA, S. F. DE; SÁ, N. C. DE. Sobre a estimação e modelagem de funções covariâncias na colocação por mínimos quadrados. 2008.

SOUZA, J. C. et al. Parâmetros e tendência genética de peso de bovinos criados a pasto no Brasil. **Archivos de Zootecnia**, v. 60, n. 231, p. 457–465, 2011.

TORAL, F. L. B.; ALENCAR, M. M. DE; FREITAS, A. R. DE. Estruturas de variância residual para estimação de funções de covariância para o peso de bovinos da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 11, p. 2152–2160, 2009.

VAN DER WERF, J.; SCHAEFFER, L. Random regression in animal breeding. **Ontario: University of Guelph**, p. 70, 1997.

WANG, Z. et al. Test duration for growth, feed intake, and feed efficiency in beef cattle using the GrowSafe System. **Journal of Animal Science**, v. 84, n. 9, p. 2289–2298, 2006.

3 ARTIGO – ANÁLISE LONGITUDINAL DO CONSUMO ALIMENTAR RESIDUAL EM BOVINOS NELORE

3.1 INTRODUÇÃO

Os produtores de carne bovina enfrentam inúmeros desafios na busca do sucesso da atividade. O alcance de desempenhos zootécnicos e econômicos superiores requer a otimização do emprego de insumos de qualidade também superiores. Na bovinocultura de corte, a alimentação é responsável por grande parte do custo de produção (BASARAB et al., 2003), sendo que a redução deste importante componente dos custos pode ser obtida via melhoria da eficiência alimentar dos animais, através do melhoramento genético.

Para Weber et al. (2005), o maior progresso genético pode ser alcançado por meio da seleção e acasalamento de indivíduos geneticamente superiores, para tanto é crucial o conhecimento de aspectos genéticos de uma população. A identificação de indivíduos que apresentam uma menor demanda por alimentos, sem que haja alteração na taxa de crescimento e peso final, poderá reduzir os gastos com alimentação, mão de obra, instalações, além de diminuir os impactos ambientais provocados pela pecuária de corte (BASARAB et al., 2003). Tais fatos sugerem a importância da seleção de animais mais eficientes por parte dos Programas de Melhoramento Genético.

Em um estudo sobre a eficiência de utilização dos alimentos pelos bovinos, Koch et al. (1963) idealizaram um índice de eficiência alimentar que pode ressaltar as diferenças genéticas na eficiência alimentar, as quais são responsáveis por 38% da oscilação de ganho de peso diário. Tal situação coloca em evidência a necessidade de uma seleção que priorize a elevação da eficiência alimentar de modo a proporcionar maior ganho de peso diário, sem afetar o consumo. Uma metodologia de avaliação que ganhou destaque foi a determinação do consumo alimentar residual (CAR).

O CAR é uma metodologia de avaliação da eficiência do aproveitamento dos alimentos pelos bovinos e tem se destacado por proporcionar a redução dos custos com alimentação, sem afetar negativamente a produtividade (LANNA & ALMEIDA, 2004). Sua mensuração é realizada através da diferença entre o consumo observado e consumo estimado, por meio de ajustes para peso médio metabólico (PMM) e ganho médio em peso por dia (GMD, kg/dia) (SAINZ et al., 2006). Desse modo, o CAR pode ser utilizado como característica para melhorar a eficiência do consumo. Animais considerados eficientes

apresentam CAR negativo, pois consomem menos do que o esperado para o mesmo ganho de peso (SAINZ et al., 2006), requerendo assim, uma menor quantidade de nutrientes para sua manutenção e seu crescimento. Castilhos et al. (2011) trabalhando com animais zebuínos verificaram que são necessários, no mínimo, 28 dias de coleta de dados para a avaliação do consumo, e 70 dias para determinar o ganho médio em peso por dia (GMD).

De acordo com Durunna et al. (2011), durante o período produtivo do animal pode ocorrer reclassificação quanto ao CAR, haja vista que podem ocorrer alterações nas exigências de consumo, ganho e manutenção, em decorrência do tempo, idade, peso e categoria animal. Durunna et al. (2012), ressaltaram que a reclassificação dos animais quanto ao CAR pode proporcionar uma identificação mais apropriada dos animais e, como consequência, seleção mais acurada de indivíduos capazes de conservar suas características de eficiência alimentar durante todo o seu período produtivo. Todavia, a precisão da caracterização do consumo individual e GMD é essencial para a obtenção de dados não viesados (NASCIMENTO, 2011). O estudo da análise longitudinal do consumo alimentar residual em bovinos Nelore pode permitir uma melhor compreensão acerca da estrutura dos componentes de variância, e seus resultados poderão dar sustentação à identificação dos períodos de teste em que há maior variabilidade genética.

Assim, objetivou-se ajustar um modelo *spline* para CAR, ao longo do período de avaliação, que seja capaz de propiciar a estimação dos parâmetros e valores genéticos proporcionando um melhor entendimento do comportamento dos componentes de variância, permitindo identificar os períodos de teste em que há maior variabilidade genética.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados de eficiência alimentar de bovinos, machos não castrados, da raça Nelore, nascidos entre 2010 e 2013 provenientes da Fazenda Rancho da Matinha, Uberaba - MG, Brasil (coordenadas de longitude e de latitude: -48.150921 e -19.657859). Segundo dados do Instituto Nacional de Meteorologia (INEP), esta apresenta condições edafoclimáticas condizentes com regiões do cerrado, com temperatura anual média do local de 21,9 °C, índice de pluviosidade anual médio de 1476,3 mm e umidade relativa do ar média anual de 73%.

Os dados de eficiência alimentar analisados são oriundos de provas que ocorreram entre 2011 e 2014, com duração média de 70 dias cada, sendo utilizados 14 dias prévios como adaptação às instalações. O banco de dados continha observações de 929 animais, filhos de 631 pais e de 2005 mães na matriz de parentesco. Participaram de cada prova, em média, 133 animais, os quais, no início do teste, tinham em média (\pm desvio padrão) 304 ± 43 dias de idade, e 313 ± 46 kg de peso vivo. Os animais foram criados de acordo com o manejo usual da Fazenda respeitando todas as exigências de conforto e bem estar animal.

Em todas as provas, a dieta ofertada era composta por silagem de milho, milho moído, farelo de soja e núcleo mineral (optigen II, producote e biopro Rancho da Matinha) na forma de ração total misturada. A dieta foi formulada contendo cerca de 70% de nutrientes digestíveis totais, 13% de proteína bruta e 78% de matéria seca e oferecida duas vezes ao dia. Utilizou-se balança digital calibrada, acoplada ao tronco de manejo, para a pesagem dos animais no início, a cada 14 dias e no final das provas.

Realizou-se a verificação da consistência dos dados sendo mantidos dados de animais que tinham registro de pai, mãe e que permaneceram em teste até o final do período de avaliação. Foi realizada avaliação dos efeitos fixos, teste e lote, os quais, posteriormente, formaram 14 grupos de contemporâneos (GC) contendo no mínimo três pais e 61 animais por grupo. Após a verificação dos dados foi realizada uma estatística descritiva para as características ingestão de matéria seca (IMS), ganho médio em peso por dia (GMD), peso vivo inicial, peso vivo final e consumo alimentar residual (CAR) em cada teste e na totalidade de dados avaliados (Tabela1).

Tabela 1 - Estatística descritiva relacionada à eficiência alimentar em testes de desempenho de bovinos Nelore.

TESTE	Característica	Na	No	Min.	Máx.	\bar{X}	SD
001	IMS		8960	0,25	20,25	9,15	1,65
	GMD		640	-0,43	2,43	1,11	0,31
	PVI	128	128	274	483	369,57	37,61
	PVF		128	341,22	543,07	446,24	37,35
	CAR		640	-2,84	3,09	0,00	0,77
003	IMS		9800	0,72	13,91	6,98	1,37
	GMD		700	0,09	1,67	0,90	0,25
	PVI	140	140	216	351	280,22	29,11
	PVF		140	238,33	452,01	350,42	38,08
	CAR		700	-1,97	1,69	0,00	0,56
004	IMS		8750	0,92	15,30	5,90	1,05
	GMD		625	-0,86	1,89	0,71	0,35
	PVI	125	125	261	442	318,40	36,29
	PVF		125	279,78	503,07	371,87	41,85
	CAR		625	-1,37	1,33	0,00	0,44
006	IMS		10010	0,34	15,36	8,19	1,59
	GMD		715	-0,43	2,43	1,20	0,31
	PVI	143	143	235	385	299,26	30,09
	PVF		143	283,51	483,69	384,20	38,00
	CAR		715	-2,09	1,65	0,00	0,66
007	IMS		11088	0,18	15,76	7,98	1,72
	GMD		660	-0,64	2,29	1,24	0,33
	PVI	132	132	217	451	318,13	48,76
	PVF		132	285,83	548,84	395,60	49,30
	CAR		660	-2,22	2,37	0,00	0,62
009	IMS		8890	1,52	12,83	6,78	1,37
	GMD		635	-1,07	2,64	0,88	0,39
	PVI	127	127	207	338	278,08	29,49
	PVF		127	237,50	415,41	333,84	37,53
	CAR		635	-2,16	1,97	0,00	0,73
010	IMS		9380	1,64	13,19	6,77	1,48
	GMD		670	-2,07	2,50	1,02	0,40
	PVI	134	134	231	490	315,25	48,37
	PVF		134	262,29	558,91	371,28	57,51
	CAR		670	-1,96	2,41	0,00	0,60
$\bar{X}G$	IMS		9554	0,80	15,23	7,39	1,46
	GMD		663	-0,77	2,26	1,01	0,33
	PVI	132	132	234,43	420,00	311,27	37,10
	PVF		132	275,49	500,71	379,06	42,80
	CAR		663	-2,09	2,07	0,00	0,63

Na: número de animais; No: número de observações da característica; Min.: mínimo; Máx.: máximo; \bar{X} : média; SD: desvio padrão; $\bar{X}G$: média geral; IMS: ingestão de matéria seca (kg); GMD: ganho médio em peso por dia (kg/d); PVI: Peso vivo inicial (kg); PVF: Peso vivo final (kg); CAR: consumo alimentar residual.

Para avaliar o comportamento das variâncias ao longo do período de teste, foram

criados subconjuntos dentro dos 70 dias de teste com início no tempo zero e duração de 14, 28, 42, 56 e 70 dias. Para cada período de avaliação foram calculados, a ingestão de matéria seca (IMS), o ganho médio em peso por dia (GMD), o peso vivo metabólico ($PVM^{0,75}$) e a ingestão de matéria seca estimada (IMSe).

A IMS foi calculada através da média dos valores de consumo obtidos durante o período em análise. O GMD de cada animal foi calculado segundo o coeficiente de regressão linear dos pesos em função dos dias de teste: $y = a + \beta \times DTO + \varepsilon$, em que y = peso do animal na observação, a = intercepto da equação de regressão associado ao peso inicial, β = coeficiente de regressão linear associado ao GPD, DTO = dias de teste para a observação, e ε = resíduo aleatório associado com cada observação.

O $PVM^{0,75}$ foi calculado como o peso vivo ao final de cada período de avaliação elevado a 0,75. A IMSe, dentro de cada prova e dentro de cada período de avaliação (14, 28, 42, 56, 70 dias), foi calculada por regressão da IMS em função do GMD e do $PVM^{0,75}$: $IMS_{e_i} = \beta_0 + \beta_1 GMD_i + \beta_2 PVM_i^{0,75} + \varepsilon_{(CAR)_i}$, em que β_0 é o intercepto, β_1 e β_2 são os coeficientes de regressão do ganho médio em peso diário (GMD_i) e do peso vivo metabólico ($PVM_i^{0,75}$), respectivamente, $\varepsilon_{(CAR)_i}$ é o resíduo, e i é o indexador da equação.

O CAR em cada período foi avaliado por modelo de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* (MS), onde foram posicionados nós nos pontos 14, 28, 42, 56 e 70, para o ajuste dos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, e da trajetória média. O modelo contemplou o efeito fixo de grupos de contemporâneos e as soluções dos polinômios *spline* para cada nó, os efeitos genéticos aditivos e de ambiente permanente e residuais como efeitos aleatórios e a idade do animal no dia de início do teste (efeito linear) como covariável. O modelo de regressão aleatória pode ser representado como:

$$\gamma_{ijklm} = gc_i + b_1 id_j + \sum_{l_1=0}^H f_{l_1} \phi_{l_1}(id_j^*) + \sum_{l_2=0}^H a_{ml_2} \phi_{l_2}(id_j^*) + \sum_{l_3=0}^H p_{ml_3} \phi_{l_3}(id_j^*) + e_{ijklm},$$

em que: γ_{ijklm} = CAR do animal m na idade j , pertencente ao grupo de contemporâneos i ; b_1 = coeficiente linear que ajusta o efeito da idade j sobre o CAR dos animais; id_j = idade do animal no teste; f_{l_1} = coeficientes da regressão fixa considerados para descrever a trajetória média do CAR; $\phi_l(id_j^*)$ = polinômios lineares do tipo *spline* l para os períodos em estudo; a_{ml_2}

e p_{ml_3} = coeficientes da regressão aleatória para os efeitos genético aditivo do animal e de ambiente permanente, respectivamente; H = número de nós associados aos efeitos de heterozigose; e_{ijklm} = resíduo associado a cada observação.

Sob notação matricial o mesmo modelo pode ser representado por:

$$\underset{\sim}{y} = \underset{\sim}{X} \underset{\sim}{\beta} + \underset{\sim}{Z}_1 \underset{\sim}{a} + \underset{\sim}{Z}_2 \underset{\sim}{ep} + \underset{\sim}{e},$$

em que: $\underset{\sim}{y}$ representa o vetor com as observações do CAR; $\underset{\sim}{X}$ é a matriz de incidência para os efeitos fixos; $\underset{\sim}{\beta}$ é o vetor com a solução para os efeitos fixos; $\underset{\sim}{Z}_1$ e $\underset{\sim}{Z}_2$ matrizes de incidência dos coeficientes dos polinômios para modelar os efeitos genético aditivo do animal e de ambiente permanente, respectivamente; $\underset{\sim}{a}$ e $\underset{\sim}{ep}$ vetores que contém as soluções para os coeficientes de regressão aleatória dos efeitos genético aditivo e de ambiente permanente, respectivamente; $\underset{\sim}{e}$ vetor dos resíduos associados a cada observação.

As seguintes pressuposições foram assumidas para o modelo de regressão aleatória: $\underset{\sim}{\beta} \sim \text{constante}$, $\underset{\sim}{a} | \underset{\sim}{A}, \underset{\sim}{G}_o^* \sim N(0, \underset{\sim}{G}_o^* \otimes \underset{\sim}{A})$; $\underset{\sim}{ep} | \underset{\sim}{I}_p, \underset{\sim}{P}_o^* \sim N(0, \underset{\sim}{P}_o^* \otimes \underset{\sim}{I}_p)$ e $\underset{\sim}{e} | \underset{\sim}{R}^* \sim N(0, \underset{\sim}{R}^*)$.

Foram assumidas distribuições de Wishart invertidas para as matrizes de covariância genéticas, ambiente permanente e residuais, sendo $\underset{\sim}{G} \sim IW(\underset{\sim}{\Sigma}_a^2, n_a)$, $\underset{\sim}{P} \sim IW(\underset{\sim}{\Sigma}_p^2, n_p)$ e $\underset{\sim}{R} \sim IW(\underset{\sim}{\Sigma}_e^2, n_e)$, em que: $\underset{\sim}{\Sigma}_a^2, \underset{\sim}{\Sigma}_p^2, \underset{\sim}{\Sigma}_e^2, n_a, n_p$ e n_e representam os hiperparâmetros das distribuições de Wishart invertidas. Informações sobre distribuições condicionais completas a *posteriori* estão disponíveis em Sorensen & Gianola (2007).

As amostras das distribuições condicionais completas dos componentes de covariância foram obtidas por meio do amostrador de Gibbs utilizando o programa GIBBS3F90 (MISZTAL et al., 2015). Foram considerados tamanhos de cadeias de 600.000, com descarte inicial de 100.000 amostras e amostragens dos valores dos componentes de covariância a cada 10 ciclos. O tamanho da cadeia foi definido em análises preliminares, segundo o método de Raftery & Lewis (1992), disponíveis no pacote BOA (SMITH, 2005), do software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2017). A convergência das cadeias definitivas foi avaliada por intermédio da complementaridade entre os critérios propostos por Geweke (1992) e por Heidelberger & Welch (1983) disponível no mesmo programa e por inspeção visual dos valores amostrados a cada iteração.

Foram estimados os parâmetros genéticos para o CAR em cada período de

avaliação, como segue:

$$h_j^2 = \frac{\sigma_{a_j}^2}{\sigma_{p_j}^2}; r_{a_j,j'} = \frac{\text{COV}_{a_j,j'}}{\sqrt{\sigma_{a_j}^2 \times \sigma_{a_{j'}}^2}}; r_{ep_j,j'} = \frac{\text{COV}_{ep_j,j'}}{\sqrt{\sigma_{ep_j}^2 \times \sigma_{ep_{j'}}^2}},$$

em que: h^2 representa a herdabilidade; $\sigma_a^2, \sigma_p^2, \sigma_{ep}^2$ representam as variâncias genética aditiva, fenotípica e de ambiente permanente, respectivamente; $r_a, r_{ep}, \text{COV}_a, \text{COV}_{ep}$ as correlações genética e de ambiente permanente, as covariâncias genética e de ambiente permanente, respectivamente; j o período de avaliação do CAR.

As respostas diretas e indiretas à seleção foram obtidas com as amostras dos componentes de variância, e seleção dos top 10% dos animais mais eficientes para CAR (intensidade de seleção = 1,76). As respostas diretas foram calculadas da seguinte maneira:

$$\Delta G_h = i_h h_h^2 \sigma_{ph},$$

onde, ΔG_h representa o ganho genético esperado por geração; i_h é a intensidade de seleção; h_h^2 representa a herdabilidade da característica sob seleção; e σ_{ph} representa o desvio padrão fenotípico (p) correspondente à característica selecionada (h).

As respostas correlacionadas por geração foram calculadas usando a seguinte equação:

$$\Delta G_{YX} = r_{a_y a_x} h_y h_x i_x \sigma_{p_y},$$

onde, ΔG_{YX} representa a resposta correlacionada esperada por geração em uma dada característica Y selecionando para a característica X em um mesmo ambiente; $r_{a_y a_x}$ a correlação genética; h_y a raiz quadrada da herdabilidade da característica Y ; h_x a raiz quadrada da herdabilidade da característica X ; i_x a intensidade de seleção praticada na característica X ; e σ_{p_y} o desvio padrão fenotípico correspondente à característica Y .

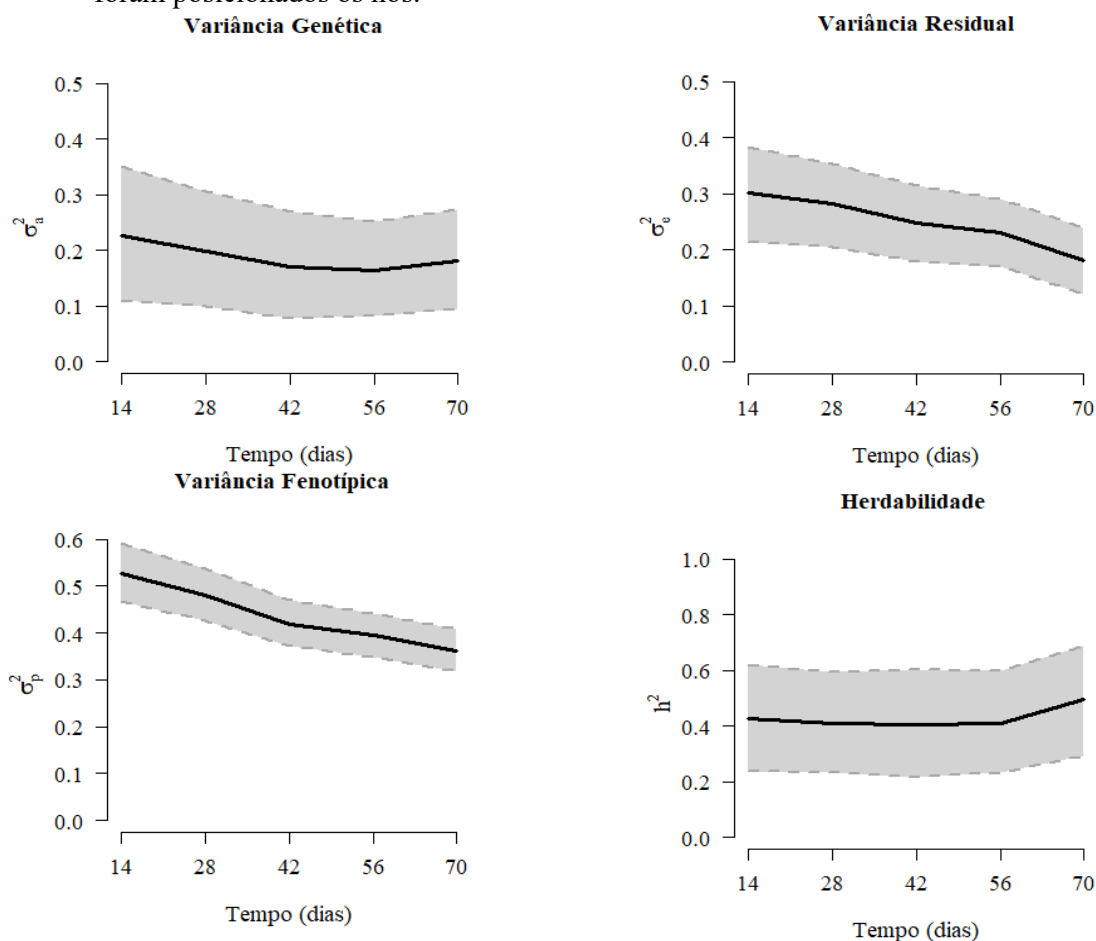
As comparações entre as respostas correlacionadas e respostas diretas foram calculadas utilizando a equação a seguir, que mede a eficiência relativa da seleção indireta:

$$\frac{\Delta G_{YX}}{\Delta G_h} = \frac{h_x}{h_y} r_{a_y a_x}.$$

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas *a posteriori* das variâncias genética aditiva, residual, fenotípica e herdabilidade para o modelo de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* (MS), apresentaram trajetória irregular ao longo do período de teste (Figura 2). Entretanto, de modo geral, não se observou diferença significativa dos valores de variância e de herdabilidade ao longo do período de avaliação em função da sobreposição dos intervalos de alta densidade (Tabela 2).

Figura 2 - Estimativas dos parâmetros genéticos e intervalos de alta densidade com 95% de confiança (cinza) para o modelo de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* em bovinos Nelore. As marcas no eixo x representam os pontos (dias) onde foram posicionados os nós.



σ_a^2 : variância genética aditiva; σ_e^2 : variância residual; σ_p^2 : variância fenotípica; h^2 : herdabilidade.

Tabela 2 - Médias *a posteriori* e limites de alta densidade com 95% das variâncias genéticas aditivas diretas (σ_a^2), residual (σ_e^2), fenotípica (σ_p^2), e das herdabilidades (h^2) para o consumo alimentar residual aos 14, 28, 42, 56 e 70 dias em bovinos Nelore.

Período de teste	σ_a^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2
14	0,23	0,30	0,53	0,43
	(0,11; 0,35)	(0,21; 0,38)	(0,47; 0,59)	(0,24; 0,62)
28	0,20	0,28	0,48	0,41
	(0,10; 0,31)	(0,21; 0,35)	(0,43; 0,54)	(0,23; 0,59)
42	0,17	0,25	0,42	0,40
	(0,08; 0,27)	(0,18; 0,31)	(0,37; 0,47)	(0,22; 0,60)
56	0,16	0,23	0,39	0,41
	(0,08; 0,25)	(0,17; 0,29)	(0,35; 0,44)	(0,23; 0,60)
70	0,18	0,18	0,36	0,50
	(0,10; 0,27)	(0,12; 0,24)	(0,32; 0,41)	(0,29; 0,69)

As médias *a posteriori* das variâncias genéticas aditivas apresentaram decréscimo no período compreendido entre 14 e 56 dias de teste, e uma suave elevação após esse período (Figura 2). Contudo, essa oscilação não é significativa devido à sobreposição do intervalo de alta densidade (Tabela 2). Desse modo, as estimativas de valores de variância genética aditiva, obtidas pelo modelo de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline*, são semelhantes ao longo dos períodos.

As estimativas das médias *a posteriori* das variâncias genéticas aditivas encontradas neste trabalho são semelhantes às de Moraes (2016) que em um estudo genético do consumo alimentar residual em um rebanho Nelore, empregando análises unicaracterísticas, encontrou estimativas de 0,75; 0,24 a 1,26 para variância genética aditiva média e intervalo de alta densidade, respectivamente. As variâncias genéticas aditivas foram em geral de alta magnitude (Tabela 2), possivelmente em decorrência do tamanho amostral da população. Variância genética aditiva elevada é vantagem em programas de melhoramento animal, pois se permite maior resposta à seleção.

Modelos de regressão aleatória possibilitam modelar a heterogeneidade de variâncias permitindo um melhor ajuste do modelo (BIGNARDI et al., 2009). Neste trabalho, foi considerada heterogeneidade de variância e empregou-se cinco classes para esse parâmetro. As médias *a posteriori* das variâncias residuais apresentaram decréscimo do início ao final do período de teste (Figura 2). O mesmo comportamento de redução das variâncias residuais foi observado por Archer & Bergh (2000) que realizaram um estudo sobre a

eficiência alimentar de cinco raças bovinas, Angus, Hereford, Simental, Africander e Bonsmara.

Os valores de variância residual para o CAR reduziram de 0,30 aos 14 dias de teste para 0,18 aos 70 dias de avaliação (Tabela 2). Esses valores são menores que os encontrados por Moraes (2016), que relatou uma média de 1,48 aos 70 dias. Segundo Marques et al. (2013), menor valor de variância residual confirma o elevado padrão da coleta, da análise de dados e do ajuste do modelo, o que auxilia na redução de prováveis erros nas estimativas.

As médias a *posteriori* das herdabilidades apresentaram maiores valores aos 70 dias de teste (Figura 2). Em geral, os valores de herdabilidade direta foram de alta magnitude, com mínimo de 0,40, aos 42 dias, e máximo de 0,50, aos 70 dias de avaliação (Tabela 2). Elevadas estimativas de herdabilidade sugerem haver variabilidade genética suficiente para o alcance de ganho genético via seleção.

Na literatura são relatados diversos valores de herdabilidade para a característica CAR. Os primeiros relatos são de Koch et al. (1963), que em estudos com touros e novilhas de raças britânicas encontraram uma estimativa de herdabilidade para CAR de $0,28 \pm 0,11$. Archer et al. (1997), em estudos com touros e novilhas de raças britânicas, relataram estimativas de herdabilidade de 0,62 para o CAR aos 70 dias de teste. Avaliando diferentes raças bovinas, Arthur; Renand; Krauss (2001); Crowley et al.(2010); Mao et al. (2013); Grion et al. (2014) e Santana et al. (2014) relataram estimativas de herdabilidade de 0,43; 0,45; 0,68; 0,33 e 0,37, respectivamente.

As estimativas de valores de herdabilidade para CAR encontradas pelo presente estudo, em decorrência da sobreposição do intervalo de alta intensidade, são semelhantes às encontradas por Moraes (2016) que utilizou o mesmo banco de dados, porém suas estimativas foram obtidas via análises unicaracterísticas. Já as diferenças nas estimativas de herdabilidades relatadas na literatura, possivelmente, são devidas às diferentes populações em estudo, diferentes metodologias empregadas na estimativa de componentes da variância, variações nos ambientes em que cada população está inserida (NKRUMAH et al., 2007), e por diferentes variáveis utilizadas na estimação do consumo que são empregadas no cálculo do CAR (ROLFE et al., 2011).

As médias a *posteriori* das correlações fenotípicas foram positivas e de média a alta magnitude com valores oscilando de 0,79 a 0,97 (Tabela 3), as quais tenderam, de maneira geral, a serem menores em períodos mais distantes. Tendência semelhante foi

observada por Boligon (2011); Gonçalves et al. (2012) e Meyer (2005) que ao estimarem correlações fenotípicas para peso em bovinos de corte observaram uma redução na magnitude das correlações à medida que a distância entre as idades aumentava. No presente estudo, considerando o tempo máximo analisado (70 dias), as menores correlações genéticas e fenotípicas foram 0,87 e 0,79, respectivamente, em relação ao teste de 14 dias. Por outro lado, os maiores valores de correlações genéticas e fenotípicas foram 0,94 e 0,93, respectivamente, confrontando com o teste aos 56 dias (Tabela 3). Indicando que um teste de 56 mede a mesma característica genética que um teste de 70 dias.

Tabela 3 - Médias a posteriori e limites de alta densidade com 95% das amostras (entre parênteses) das correlações genéticas aditivas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) entre os diferentes períodos de teste.

	14	28	42	56	70
14		1,00 (0, 99; 1,00)	0,96 (0, 91; 0,99)	0,96 (0,92; 0,99)	0,87 (0,76; 0,96)
28	0,97 (0,95; 0,99)		0,96 (0,91; 0,99)	0,97 (0,94; 1,00)	0,90 (0,81; 0,97)
42	0,92 (0,90; 0,94)	0,94 (0,92; 0,97)		0,98 (0,96; 1,00)	0,93 (0,87; 0,98)
56	0,87 (0,84; 0,90)	0,91 (0,89; 0,94)	0,97 (0,97; 0,99)		0,94 (0,89; 0,98)
70	0,79 (0,75; 0,83)	0,82 (0,78; 0,86)	0,89 (0,85; 0,92)	0,93 (0,90; 0,96)	

As médias a posteriori das correlações genéticas aditivas não diferiram nos diferentes períodos de avaliação, pois houve sobreposição dos intervalos de alta densidade (Tabela 3). No entanto, as correlações genéticas aditivas entre os diferentes períodos de avaliação se mostraram positiva e altamente correlacionadas. Archer et al. (1997), ao avaliarem bovinos de raças britânicas visando comparar um teste de 119 dias com testes de menor duração, observaram um aumento das correlações genéticas até 70 dias, o que indicou que um teste de menor duração mede a mesma característica genética de um teste de 119 dias, e haveria uma menor reclassificação dos animais.

Dados obtidos em um mesmo animal e em espaço de tempo mais curto são propensos a ser correlacionados (WANG et al., 2006). O CAR apresenta comportamento

semelhante, pois é uma medida de eficiência alimentar obtida no mesmo animal ao longo do período de teste, sendo, portanto, uma característica que apresenta elevada correlação genética entre o CAR avaliado nos diferentes períodos (ARCHER et al., 2002; ARTHUR; RENAND; KRAUSS, 2001). Os valores dos coeficientes de correlação de Spearman, entre os períodos mais curtos e 70 dias de avaliação, apresentaram aumento ao longo do período de avaliação (Tabela 4). O maior coeficiente de correlação entre 70 dias e os demais períodos foi 0,94 ($p < 0,05$) observado quando confrontado com o teste aos 56 dias. Castilhos et al. (2011), avaliando a duração ótima de testes de desempenho de bovinos Nelore, relataram valores de coeficientes de correlação de Spearman acima de 0,80 e de 0,90 entre 119 dias de teste e períodos mais curtos de avaliação, 56 e 84 dias, respectivamente.

Tabela 4 - Correlação de Spearman – valores de coeficientes (acima da diagonal), e de p-valor (abaixo da diagonal), para o consumo alimentar residual aos 14, 28, 42, 56 e 70 dias em bovinos Nelore.

	14	28	42	56	70
14		0,97	0,90	0,81	0,69
28	0,00		0,94	0,87	0,73
42	0,00	0,00		0,97	0,86
56	0,00	0,00	0,00		0,94
70	0,00	0,00	0,00	0,00	

Na literatura são relatados diversos valores de coeficiente de correlação de Spearman para o CAR entre testes com duração de 70 dias e testes com menores períodos de avaliação. Culbertson et al. (2015) e Mahler (2016), em estudos com bovinos de diferentes idades, relataram coeficiente de correlação de Spearman de 0,95 aos 56 dias de teste, sugerindo uma pequena alteração no ranqueamento dos animais de acordo com seus valores de CAR. Manafiazar et al. (2017) observaram que foi necessário um período de 49 dias para obter um coeficiente de correlação de Spearman de 95%.

Comparando a correlação de Spearman do CAR aos 56 dias deste estudo (0,94) com as correlações de Spearman observadas nos estudos supracitados, verifica-se que os valores são similares. Tal resultado sugere que haveria uma pequena alteração no ranqueamento dos animais aos 56 dias em comparação aos 70 dias de teste.

Tabela 5 - Ranqueamento dos 10% dos animais superiores – número de animais em comum (acima da diagonal), e porcentagem em comum (abaixo da diagonal), para o consumo alimentar residual aos 14, 28, 42, 56 e 70 dias em bovinos Nelore.

	14	28	42	56	70
14		81	66	52	43
28	87,09		74	61	50
42	70,97	79,57		79	64
56	55,91	65,59	84,95		77
70	46,24	53,76	68,82	82,80	

Como exposto na tabela 5, foram calculadas as porcentagens de coincidências entre os diferentes períodos de avaliação do CAR, considerando os 10% dos melhores animais classificados para esta característica. As porcentagens de animais em comum entre os períodos mais curtos e 70 dias de avaliação variaram de 46,24% para o teste de 14 dias e alcançaram 82,80% aos 56 dias. Ou seja, um teste com duração de 56 dias teria uma alteração em 17,20% no ranqueamento dos animais quando comparado com um teste de 70 dias. Manafiazar et al.(2017) observaram que, a redução do período de avaliação de 84 para 42 dias diminuiria em 7% a precisão de ranqueamento dos touros. Diante dos resultados obtidos, os autores sugeriram que um período de teste com duração de 42 dias permitiria o aumento do número de animais colocados em teste.

Os resultados obtidos através das comparações entre respostas correlacionadas e respostas diretas apresentaram aumento durante o período de avaliação (Tabela 6). A proporção da eficiência relativa aumentou com o aumento do período de teste (de 0,80 aos 14 dias para 0,85 aos 56 dias). Entretanto, essa elevação não é significativa devido à sobreposição dos intervalos de alta densidade.

Tabela 6 - Médias a posteriori e intervalos de alta densidade (95%) das comparações entre respostas correlacionadas e respostas diretas para o consumo alimentar residual aos 14, 28, 42 e 56 dias em bovinos Nelore.

Resposta correlacionada/ Resposta direta	Eficiência Relativa
$\Delta G_{70,14}/\Delta G_{70}$	0,80 (0,62; 0,98)
$\Delta G_{70,28}/\Delta G_{70}$	0,81 (0,66; 0,97)
$\Delta G_{70,42}/\Delta G_{70}$	0,84 (0,70; 0,97)
$\Delta G_{70,56}/\Delta G_{70}$	0,85 (0,74; 0,96)

O CAR é uma característica que apresenta uma variação bastante expressiva, suficiente para assegurar uma resposta considerável à seleção (HOQUE & SUZUKI, 2009). As variâncias genéticas, residuais e fenotípicas, obtidas neste estudo, apresentaram variação no comportamento durante o período de avaliação. De acordo com Begli et al. (2016), os modelos de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo *spline* viabilizam a obtenção de estimativas mais precisas dos parâmetros genéticos em situações como a do presente estudo.

A identificação e seleção de animais mais eficientes no uso de alimentos é essencial para a otimização do sistema produtivo. Segundo Chaves et al. (2014) animais eficientes possuem menores custos de produção e promovem elevação do lucro. Crews et al. (2006) reportaram que é viável obter uma economia significativa por animal no custo da alimentação com os animais de CAR negativo. Da mesma forma, Arthur & Herd (2005) observaram benefícios econômicos em face da redução da ingestão de matéria seca. Assim, a identificação e seleção de animais com baixo CAR podem ter um papel relevante na cadeia produtiva da carne.

3.4 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Modelo de regressão aleatória com polinômios lineares do tipo spline possibilitaram avaliar a variabilidade genética aditiva ao longo do período de teste para eficiência alimentar. Pelos valores dos intervalos de alta densidade verifica-se que a variância genética aditiva é semelhante ao longo do período de teste. Os resultados indicaram que um teste de eficiência alimentar com duração de 56 dias apresenta elevada variabilidade genética e considerável valor de eficiência relativa, culminando em significativa redução dos custos de testes e aumento do número de animais avaliados por ano, diante de um menor tempo de avaliação de eficiência alimentar em bovinos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARCHER, J. A. et al. Optimum Postweaning Test for Measurement of Growth Rate, Feed Intake, and Feed Efficiency in British Breed Cattle. **Journal of Animal Science**, 1997.
- ARCHER, J. A. et al. Genetic variation in feed intake and efficiency of mature beef cows and relationships with postweaning measurements. Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production. **Anais...2002**
- ARCHER, J. A.; BERGH, L. Duration of performance tests for growth rate, feed intake and feed efficiency in four biological types of beef cattle. **Livestock Production Science**, v. 65, n. 1–2, p. 47–55, 2000.
- ARTHUR, P. F.; HERD, R. M. Efficiency of feed utilisation by livestock—Implications and benefits of genetic improvement. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 85, n. 3, p. 281–290, 2005.
- ARTHUR, P. F.; RENAND, G.; KRAUSS, D. Genetic and phenotypic relationships among different measures of growth and feed efficiency in young Charolais bulls. **Livestock Production Science**, v. 68, n. 2, p. 131–139, 2001.
- BASARAB, J. A. et al. Residual feed intake and body composition in young growing cattle. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 83, n. 2, p. 189–204, 2003.
- Begli, H. E. et al. Longitudinal analysis of body weight, feed intake and residual feed intake in F2 chickens. **Livestock Science**, v. 184, p. 28–34, 2016.
- BIGNARDI, A. B. et al. Random regression models to estimate test-day milk yield genetic parameters Holstein cows in Southeastern Brazil. **Livestock Science**, v. 123, n. 1, p. 1–7, 2009.
- BOLIGON, A. A. Modelos para estimação de componentes de (co)variância para pesos do nascimento à idade adulta de animais da raça Nelore. 97 p. Tese de Doutorado. Universidade Estadual Paulista. Brasil, 2011.
- CASTILHOS, A. M. DE et al. Test post-weaning duration for performance, feed intake and feed efficiency in Nelore cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, n. 2, p. 301–307, 2011.
- CHAVES, A. S. et al. Relationship of feed efficiency indexes and profitability in Nelore steers. In: Embrapa Pecuária Sudeste-Resumo em anais de congresso (ALICE). In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 51., 2014, Barra dos Coqueiros. A produção animal frente às mudanças climáticas e tecnológicas-anais. Barra dos coqueiros: Sociedade Brasileira de Zootecnia. **Anais...2014**. CD-Rom.
- CREWS, D. H. J. et al. C Selection S : A Multiple Trait Index Including Feed. v. 22, p. 65–70, 2006.
- CROWLEY, J. J. et al. Phenotypic and genetic parameters for different measures of feed

efficiency in different breeds of Irish performance-tested beef bulls. **Journal of Animal Science**, v, 88, n.3, p. 885-894, 2010.

CULBERTSON, M. M. et al. Optimum measurement period for evaluating feed intake traits in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 93, n. 5, p. 2482–2487, 2015.

DURUNNA, O. N. et al. Feed efficiency differences and reranking in beef steers fed grower and finisher diets. **Journal of animal science**, v. 89, n. 1, p. 158–167, 2011.

DURUNNA, O. N. et al. Evidence of residual feed intake reranking in crossbred replacement heifers. **Journal of Animal Science**, v. 90, n. 3, p. 734–741, 2012.

GEWEKE, J. **Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to calculating posterior moments**. ClarendonOxford, UK, , 1992.

GONÇALVES, F. M. et al. Genetic evaluation of European quails by random regression models. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 41, n. 9, p. 2005–2011, 2012.

GRION, A. L. et al. Selection for feed efficiency traits and correlated genetic responses in feed intake and weight gain of Nellore cattle. **Journal of Animal Science**, v. 92, n. 3, p. 955–965, 2014.

HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. D. Simulation Run Length Control in the Presence of an Initial Transient. **Operations Research**, v. 31, n. 6, p. 1109–1144, dez. 1983.

HOQUE, M. A.; SUZUKI, K. Genetics of residual feed intake in cattle and pigs: A review. **Asian-Australasian Journal of Animal Science**, v. 22, n. 5, p. 747–755, 2009.

KOCH, R. M. et al. Efficiency of feed use in beef cattle. **Journal of animal science**, v. 22, n. 2, p. 486–494, 1963.

LANNA, D. P.; ALMEIDA, R. D. E. Residual Feed Intake : Um Novo Critério De Seleção? **V Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal**, n. 1963, 2004.

MAHLER, L. E. **Recommended Duration for Evaluating Feed Intake and Validating the Residual Feed Intake Model in Brangus Heifers**. [s.l.] Urburn University, 2016.

MANAFIAZAR, G. et al. Running head: Shortening feed intake and feed efficiency test period Optimizing feed intake recording and feed efficiency estimation to increase the rate of genetic gain for feed efficiency in beef cattle. v. 1, n. 403, p. 1–28, 2017.

MAO, F. et al. Phenotypic and genetic relationships of feed efficiency with growth performance, ultrasound, and carcass merit traits in Angus and Charolais steers¹. **Journal of Animal Science**, v. 91, n. 5, p. 2067–2076, 2013.

MARQUES, E. G. et al. Estimativas De Crescimento , Carçaça E Perímetro Escrotal De Animais Confinamento. **Bioscience Journal**, v. 29, n. 1, p. 159–167, 2013.

MEYER, K. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian

Angus cattle. **Genetics Selection Evolution**, v. 37, n. 6, p. 473, 2005.

MISZTAL, I. et al. Manual for BLUPF90 family of programs. Georgia: Athens: Universidade da Georgia, 2015, 125p.

MORAES, G. F. D. Estudo genético do consumo alimentar residual e características produtivas e reprodutivas em um rebanho nelore. 57p. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Uberlândia. Brasil, 2016.

NASCIMENTO, M. L. DO. Eficiência alimentar e suas associações com o lucro, características de carcaça e qualidade de carne de bovinos Nelore. Tese de Doutorado Universidade de São Paulo, 2011.

NKRUMAH, J. D. et al. Primary genome scan to identify putative quantitative trait loci for feedlot growth rate, feed intake, and feed efficiency of beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 85, n. 12, p. 3170–3181, 2007.

RAFTERY, A. E.; LEWIS, S. M. [Practical Markov Chain Monte Carlo]: comment: one long run with diagnostics: implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo. **Statistical science**, v. 7, n. 4, p. 493–497, 1992.

ROLFE, K. M. et al. Genetic and phenotypic parameter estimates for feed intake and other traits in growing beef cattle, and opportunities for selection. **Journal of Animal Science**, 2011.

SAINZ, R. D. et al. Carcass composition and visceral organs are similar at harvest in low-and high-residual feed intake groups of Angus-Hereford steers. PROCEEDINGS-AMERICAN SOCIETY OF ANIMAL SCIENCE WESTERN SECTION. **Anais...**2006

SANTANA, M. H. A. et al. Genetic parameter estimates for feed efficiency and dry matter intake and their association with growth and carcass traits in Nelore cattle. **Livestock Science**, v. 167, n. 1, p. 80–85, 2014.

SMITH, B. J. Bayesian output analysis program (BOA) for MCMC. **R package version**, v. 1, n. 5, 2005.

SORENSEN, D.; GIANOLA, D. **Likelihood, Bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics**. Springer Science & Business Media, 2007.

WANG, Z. et al. Test duration for growth, feed intake, and feed efficiency in beef cattle using the GrowSafe System. **Journal of Animal Science**, v. 84, n. 9, p. 2289–2298, 2006.

WEBER, F. et al. Variability in organ-specific EGFR mutational spectra in tumour epithelium and stroma may be the biological basis for differential responses to tyrosine kinase inhibitors. **British Journal of Cancer**, v. 92, n. 10, p. 1922–1926, 2005.