

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
FACULDADE DE MEDICINA VETERINÁRIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS VETERINÁRIAS
ÁREA DE CONCENTRAÇÃO: PRODUÇÃO ANIMAL**

**A IMPORTÂNCIA DA QUALIDADE DA INFORMAÇÃO NA PREDIÇÃO DE
VALORES GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM
BOVINOS DA RAÇA NELORE**

CRISTIANE DE FÁTIMA PEREIRA

**UBERLÂNDIA
2014**

CRISTIANE DE FÁTIMA PEREIRA

**A IMPORTÂNCIA DA QUALIDADE DA INFORMAÇÃO NA PREDIÇÃO DE
VALORES GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM
BOVINOS DA RAÇA NELORE**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias da Universidade Federal de Uberlândia, como requisito para obtenção do título de Mestre em Medicina Veterinária.

Área de Concentração: Produção Animal

Orientadora: Prof^a Dr^a Carina Ubirajara de Faria

**UBERLÂNDIA
2014**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

Sistema de Bibliotecas da UFU, MG, Brasil.

P436i Pereira, Cristiane de Fátima, 1974-
2014 A Importância da qualidade da informação na predição de
valores genéticos para características de crescimento em bovinos
da raça nelore / Cristiane de Fátima Pereira. – 2014.
41 p.

Orientadora: Carina Ubirajara de Faria.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia,
Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias.
Inclui bibliografia.

1. Veterinária - Teses. 2. Bovino - Raça nelore – Teses. 3.
Bovino – Melhoramento genético - Teses. I. Faria, Carina
Ubirajara de. II. Universidade Federal de Uberlândia. Programa
de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias. III. Título.

CDU: 619

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

CRISTIANE DE FÁTIMA PEREIRA

**A IMPORTÂNCIA DA QUALIDADE DA INFORMAÇÃO NA PREDIÇÃO DE
VALORES GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM
BOVINOS DA RAÇA NELORE**

**Prof^a Dr^a Carina Ubirajara de Faria – UFU
(Orientadora)**

Prof. Dr. Raysildo Barbosa Lôbo – ANCP

Prof^a Dr^a Natascha Almeida Marques da Silva – UFU

Data: ____/____ de _____

Resultado: _____

Aos meus pais, Geraldo e Fátima, por me proporcionarem todas as condições para que eu chegasse até aqui.

Ao meu irmão Castiliano (in memoriam). Sei que estaria na primeira fila.

Ao meu irmão Castinaldo, por sempre me incentivar.

Aos meus queridos sobrinhos, que têm morada certa em meu coração.

À minha rainha “Vó Lica”, colo seguro em todos os momentos.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus, fonte de toda a sabedoria e inspiração, por mostrar-me os caminhos a seguir, tantas vezes difíceis. A ele toda honra e toda glória.

Meu eterno agradecimento a amiga e orientadora Doutora Carina Ubirajara de Faria, pelo apoio, incentivo e contribuição para meu crescimento profissional. Esse trabalho não seria possível se não fosse o seu auxílio.

Ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias da Universidade Federal de Uberlândia, por nos proporcionar a oportunidade de subirmos mais um degrau em nossa formação. Agradeço a Célia Regina de Oliveira Macedo e à professora Doutora Ricarda Maria dos Santos, pelo apoio.

Agradeço à Associação Nacional dos Criadores e Pesquisadores (ANCP), na pessoa de Doutor Raysildo Barbosa Lôbo, por ceder os dados para a presente pesquisa.

A todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias, que muito contribuíram doando seu tempo e conhecimento durante as aulas.

Aos professores que aceitaram o convite para participarem da Banca Examinadora: Alex de Matos Teixeira, Natascha Almeida Marques da Silva e Raysildo Barbosa Lôbo.

Às amigas Helô e Maíra que me acompanham a cada dia com tanto carinho.

Às amigas Ivy, Núria, Juliana, Franci e Taci pela amizade sincera e incentivo em meus projetos.

Ao amigo Fabrício Flauzino, pela torcida.

Aos colegas do grupo de estudo da Zootecnia, pelo incentivo. À Rosiane, pela parceria.

À minha querida irmã Clélia, todo o meu carinho e gratidão.

Por fim, agradeço a todos que contribuíram direta ou indiretamente para a realização deste trabalho.

Em poder de Deus estamos
nós, as nossas palavras,
a nossa inteligência e
as nossas habilidades.

Sabedoria (7,16)

RESUMO

Objetivou-se com este trabalho avaliar a influência da qualidade da informação na predição de valores genéticos para as características de crescimento em bovinos da raça Nelore. Foram utilizadas informações de bovinos da raça Nelore provenientes de fazendas participantes do Programa Nelore Brasil da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), correspondentes aos anos de 2012 a 2013. As fazendas selecionadas são certificadas quanto à qualidade da informação zootécnica, possuindo o selo Global G1. Considerou-se como critério de avaliação dados de campo, como lote ou grupo de manejo, sendo analisadas características de crescimento relacionadas aos pesos padronizados aos 120 (P120), 210 (P210), 365 (P365) e 450 (P450) dias de idade, avaliadas sob diferentes cenários de qualidade da informação: inclusão de todas as informações de lote de manejo; inclusão aleatória das informações de lote de manejo em 90%, 70%, 50%, 30% e dados sem a informação do lote de manejo dos animais com medidas fenotípicas. Ao considerar os diferentes cenários das informações de lotes de manejo para a avaliação genética das características de crescimento, verificou-se que houve alterações na estrutura dos arquivos para avaliação genética, após o tratamento estatístico dos dados. O grupo de contemporâneo sofreu alterações no número dos animais em decorrência da pouca qualidade da informação. Observou-se alterações em todos os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos, quando comparados aos obtidos pelo cenário utilizado como referência. Para as características de crescimento houve aumento nas estimativas de herdabilidade e nas variâncias genéticas aditivas à medida que se reduziu o número de informações sobre os lotes de manejo. Devido à alteração nos grupos contemporâneos na ausência de informações sobre os lotes de manejo, foram obtidos resultados viesados nas análises genéticas, atingindo valores genéticos superestimados, que podem levar a enganos quanto à escolha dos animais.

Ao avaliar as correlações de posto ou Spearman dos valores genéticos obtidos a partir de dados com qualidade na informação (cenário REF), em três grupos de acurácia dos valores genéticos, comparados aos obtidos nos diferentes cenários de inclusão das informações de lotes de manejo houve alteração na classificação dos animais para as características de crescimento avaliadas.

PALAVRAS-CHAVE: Bovino de corte. Qualidade dos dados. Melhoramento genético. Parâmetro genético. Grupo de manejo.

ABSTRACT

The objective of this study was to evaluate the influence of information quality in the prediction of genetic values for the Nellore cattle's growth traits. The information regarding the Nellore cattle from four farms participating in a program of the Brazilian National Association of Breeders and Researchers (ANCP, acronym in portuguese), named Nellore Brasil, is corresponding to the years 2012 and 2013. The selected farms are certified by the ANCP for quality of zootechnical information, having received the association's seal of approval, Global G1. Field data such as batch or management group were considered an assessment criteria, and the growth traits related to the body weight at 120 (W120), 210 (W210), 365 (W365) and 450 (W450) days were evaluated under different scenarios of information quality: inclusion of all management lot information and random inclusion of management lot information in 90%, 70%, 50%, 30% and absence of information on management lots. During the scrutiny of different scenarios of management lot information for the genetic evaluation of growth traits, it was found that there were changes in the file structure for genetic evaluation, after the statistical treatment of the data. The contemporary group experienced changes in the number of animals due to the poor quality of information. Changes were observed in all the (co)variance components and genetic parameters compared to those obtained by the scenario used as a reference. Concerning growth traits, there was an increase in the estimates of heritability and the additive genetic variance in as far as the number of information about management lots decreased. Due to the change in contemporary groups in the absence of information on management lots, the results obtained in genetic analyzes' were biased, reaching overestimated breeding values, which can be misleading as to the choice of animals. With respect to the average of predicted breeding values, it was found that for the maternal additive genetic effects of the body weight at 120 and 210 days of age, the change in the information quality interfered negatively, leading to reduction of average breeding values of the herds evaluated.

When evaluating correlations or Spearman rank breeding values obtained from data with information quality (scenario), in three groups of accuracy of breeding values compared to those obtained in different scenarios of the inclusion of information, in different proportions, it was found that there was a change in the animal classification for growth traits.

KEYWORDS: Beef cattle. Data quality. Genetic enhancement. Genetic parameter. Management group.

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

- P120: peso aos 120 dias de idade
P210: peso aos 210 dias de idade
P365: peso aos 365 dias de idade
P450: peso aos 450 dias de idade
DEP: diferença esperada na progênie
ABCZ: Associação Brasileira dos Criadores de Zebu
ANCP: Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores
BLUP: *best linear unbiased prediction*
MAPA: Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento
MTGSAM: Multiple Trait Gibbs Sampler for Animal Model
SAS: *Statistical Analysis System*

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Avaliação genética de quatro reprodutores utilizando-se o método BLUP através do modelo touro, de acordo com três situações de obtenção das informações de campo.....	29
Tabela 2 - Estatística descritiva considerando os diferentes cenários de inclusão das informações de lotes de manejo.....	39
Tabela 3 - Estimativas médias dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para as características de crescimento de bovinos da raça Nelore, considerando os diferentes cenários de inclusão das informações de lotes de manejo.....	41
Tabela 4 - Médias dos valores genéticos preditos (diretos e maternos) para as características de crescimento, avaliadas em bovinos da raça Nelore, considerando os diferentes cenários de inclusão das informações dos lotes de manejo.....	43
Tabela 5 - Correlação de posto ou <i>Spearman</i> entre os valores genéticos preditos para as características de crescimento considerando o cenário de referência (REF), em três grupos de acurácia dos valores genéticos, com aqueles preditos em diferentes níveis de inclusão das informações de lotes de manejo.....	44

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	21
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	24
2.1 Breve histórico do melhoramento genético de bovinos de corte	24
2.2 Programas de melhoramento genético	24
2.3 Parâmetros genéticos e avaliações genéticas	26
2.3.1 <i>Diferença Esperada na Progênie</i>	26
2.3.2 <i>Lotes de Manejo e Grupos Contemporâneos</i>	27
2.4 Aspectos de Gestão	31
2.4.1 <i>Gestão por Processo no Agronegócio</i>	31
2.4.2 <i>Gestão da Informação no Agronegócio</i>	32
2.4.3 <i>Programa Nelore Brasil</i>	33
3 MATERIAL E MÉTODOS	35
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	38
5 CONCLUSÃO.....	46
REFERÊNCIAS	47

1 INTRODUÇÃO

O agronegócio representa a principal atividade econômica no Brasil, com destaque para o setor de pecuária de corte que, atualmente, ocupa o terceiro lugar em importância, sendo um dos mais eficientes na produção mundial de carne bovina (ABCZ, 2013). Desde o ano de 2008, o Brasil ocupa a liderança no ranking das exportações de carne bovina (MAPA, 2013) e, segundo dados estatísticos, este crescimento será de 2,15% ao ano. Isto é possibilitado, principalmente, devido ao melhor uso das pastagens aliado às modernas técnicas agronômicas e nutricionais e aos investimentos em genética (MAPA, 2013) que levaram ao aumento da quantidade de carne produzida, em consonância com a melhoria da qualidade da mesma.

O rebanho bovino brasileiro possui cerca de 212 milhões de cabeças, apresentando crescimento de 21% na última década, quando este número era de 176 milhões de cabeças (IBGE, 2013). A maior parte da carne bovina brasileira é oriunda de sistemas de produção extensivos, em regime de pastagens, e de rebanhos constituídos de raças zebuínas adaptadas às condições de criação em bioma Cerrado. Entre elas, destaca-se o gado Nelore, que corresponde a quase 80% do rebanho zebuíno no Brasil (ABCZ, 2007).

A pecuária de corte no Brasil encontra-se em processo de transformação, em virtude do aumento do uso de novas tecnologias agropecuárias, com vistas ao menor custo de produção por área, a fim de obter maior produtividade. De acordo com Santana e Silva (2013), esse avanço tecnológico permite maior agregação de valor ao produto, além de possibilitar o aumento da eficiência produtiva e, consequentemente, o lucro líquido do empresário rural.

O agronegócio tem investido em desenvolvimento científico tecnológico, colocando nosso país entre uma das plataformas mais respeitáveis de pesquisa no setor agropecuário (FARIA et al., 2008). A pesquisa em melhoramento genético, por exemplo, contribuiu significativamente para o aumento da produção de carne bovina no Brasil. A carne zebuína é um dos exemplos que podemos citar e que antigamente era conhecida como uma carne dura. Algumas pesquisas em melhoramento genético têm demonstrado que a maciez é um traço moderadamente hereditário e que a seleção do reprodutor tem dado bons resultados.

Os fatores ligados ao manejo e à alimentação dos animais foram decisivos para o crescimento no setor da produção de corte, no entanto muito deste ganho se deve à melhoria contínua do potencial genético dos animais. Conhecer estes fatores ainda constitui uma importante ferramenta que possibilita aumentar a eficiência dos sistemas produtivos (ALENCAR ; BARBOSA, 2010).

De acordo com Faria et al. (2007), a identificação dos melhores genótipos aliada às condições ambientais relacionadas ao processo produtivo pode promover o aumento do progresso genético. Entretanto, para a identificação de genótipos superiores é importante considerar informações que realmente expressem a qualidade genética dos indivíduos. Assim, os resultados de qualquer processo de seleção dependem da identificação dos valores genéticos aditivos dos animais que serão transmitidos à progênie.

Estimar um valor genético aditivo com precisão é tarefa complicada, no entanto há metodologias diversas que permitem obter uma idéia desse valor. O fato é que o desempenho dos animais (fenótipo) não é influenciado apenas pela ação de seus genes (genótipo), mas também por efeitos de ambiente e pela interação destes dois fatores, ambiente e genótipo. Portanto, em uma avaliação genética é necessário estimar o valor genético dos animais retirando as influências de ambiente e interação genótipo-ambiente (FERRAZ, 1996).

Por meio de métodos estatísticos é possível separar os fatores ambientais dos fatores genéticos (genótipo) que contribuem para o desempenho do animal, ou seja, seu fenótipo (MAGNABOSCO et al., 2001). Entretanto, se faz necessária a obtenção cuidadosa dos dados de sistema e manejo, pois os mesmos em forma de amostragem serão interpretados e estruturados para serem utilizados em modelos de análises genéticas.

A escrituração zootécnica é de grande importância, já que o progresso genético dos animais é alcançado por meio de uso de dados informados com qualidade, independentemente das metodologias aplicadas na avaliação genética (JOSAHKIAN, 1996). Fatores não genéticos, tais como alimentação, estação de nascimento, fazenda, ano, grupo ou lote de manejo, sexo e idade da vaca ao parto, são informações que podem afetar o resultado das avaliações genéticas (MAGNABOSCO et al., 2001). De acordo com Josahkian (1996), estes fatores, agindo em conjunto, podem interagir e determinar grandes variações nos fenótipos. Por isso, uma adequada escrituração zootécnica deve permitir determinar os possíveis efeitos que levaram às diferenças fenotípicas observadas. Esta escrituração, sendo bem realizada, permite a diferenciação ou uma comparação real entre animais frente a determinadas características avaliadas.

Os programas de melhoramento genético possuem estruturas de coleta destas informações, que serão utilizadas para a posterior avaliação genética. Porém, estas informações devem ser fornecidas pelos criadores, pois estes verdadeiramente conhecem as condições a que seus animais são submetidos. As falhas na informação de campo podem resultar em avaliações genéticas subjetivas.

Dessa forma, para alcançar o progresso genético de um rebanho e, consequentemente,

obter êxito na produção pecuária, se faz necessário ser eficiente na identificação dos animais geneticamente superiores que serão utilizados como reprodutores e também compreender que a coleta e o envio das informações ambientais aos quais os animais estavam submetidos deverão ser criteriosos e rigorosos. Em vista disso, neste trabalho, objetivou-se avaliar a influência da qualidade da informação na predição de valores genéticos para as características de crescimento em bovinos da raça Nelore.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Breve histórico do melhoramento genético de bovinos de corte

De acordo com Perotto (2000), os primeiros documentos relacionados ao melhoramento genético datam do período entre 1760 e 1795, e têm origem na Inglaterra, com os trabalhos de Robert Bakewell. Seus princípios foram aplicados pelos irmãos Colling na formação da Raça Shorthorn, cujo registro genealógico foi estabelecido em livro em 1822. Pelos finais do século XIX, foram formadas novas raças bovinas, assim como os respectivos livros genealógicos.

Neste período de formação de raças, que durou cerca de 150 anos, as características ideais selecionadas de cada raça se restringiam à coloração da pelagem dos animais ou ao tipo racial. Caracteres produtivos não eram muito enfatizados e os criadores norteavam a reprodução de seus animais a partir de características previamente definidas, objetivando imprimi-las em seu rebanho. Acreditava-se que padrões de cor e conformação tinham correlação genética com padrões superiores de produção.

Em 1895, formou-se na Dinamarca uma associação para testes em vacas leiteiras. Em 1900, se deu a redescoberta das pesquisas de Mendel, que se tornaram a base da genética moderna. Porém, somente nos anos 1930 os criadores conseguiram utilizar o melhoramento para produção de leite e ganho em peso, época também em que a biometria se aliou à genética, favorecendo a aplicação de métodos científicos de melhoramento animal. Outros estudiosos importantes contribuíram para o desenvolvimento do melhoramento genético, como: William Bateson, Francis Galton, Ronald A. Fisher, Sewall Wright, Jay L. Lush, Gordon G. Dickerson e Charles R. Henderson.

Desde os anos 30, o melhoramento genético tem evoluído através de técnicas de inseminação artificial, transferência de embriões, manipulação de DNA e utilização da computação eletrônica.

2.2 Programas de melhoramento genético

O propósito de um programa de melhoramento genético consiste em identificar animais geneticamente superiores e alterar a composição genética de uma população, de maneira a propiciar a multiplicação destes genótipos superiores identificados (PEREIRA, 2012). Quando comparados às seleções empíricas, os programas de melhoramento apresentam

maiores probabilidades de acertos (ABCZ, 2003). Deste modo, os ganhos genéticos são mais rápidos, aumenta-se a frequência dos genes favoráveis e diminuem-se os genes indesejáveis dentro de um rebanho.

Duas forças agem de forma conjunta no processo de produção animal: a genética e o ambiente. Os programas de melhoramento são estabelecidos a partir da genética, que constitui um fator limitante para a resposta dos animais frente aos processos de seleção. Porém, é imprescindível a compatibilização genética e das condições ambientais a que os animais são submetidos, separando as causas de natureza genética e de natureza ambiental que resultam em variações no peso e ganho em peso dos animais (PEREIRA, 2012). É importante entender também que a eficiência econômica não é obtida sem um processo de melhoria genética dos rebanhos. Sendo assim, são necessários esforços para aumentar a oferta tanto de quantidade como de qualidade de material genético do gado Zebu.

É importante difundir esses genótipos superiores, a fim de melhorar a produtividade bovina, não devendo restringi-los aos criatórios de elite. Nomelini (2006) afirma que o fluxo gênico da pecuária de corte deve seguir dos rebanhos de seleção em direção aos rebanhos comerciais, que são os responsáveis pela produção da carne destinada ao mercado varejista.

Ao se realizar um processo de seleção, é importante definir os objetivos e isto deve ser feito pelo criador ou pelo conjunto de criadores e pesquisadores que participem de exigências mercadológicas semelhantes. Esses objetivos devem prever a situação de mercado em torno de cinco ou dez anos. Visto que esta não é uma tarefa fácil, importa estar atento aos critérios de seleção disponibilizados pelos programas de melhoramento animal existentes, como por exemplo, o peso em diferentes idades, medições de perímetro escrotal, idade ao primeiro parto, entre outros. Muitos destes critérios apresentam correlações entre si e o aumento de um pode ser favorável ou desfavorável ao outro (MARCONDES; MARQUES; CUNHA, 2008).

Dessa forma, o melhoramento genético consiste em estimar um valor genético, da característica econômica de interesse, para cada animal, a partir da separação do que é expressão do genótipo e do que é advindo do ambiente. Assim, selecionando os caracteres desejáveis e acasalando os indivíduos, espera-se obter progêneres superiores. (MARCONDES; MARQUES; CUNHA, 2008; LÔBO et al., 2008; MAGNABOSCO et al., 2001; NOMELEINI, 2006).

2.3 Parâmetros genéticos e avaliações genéticas

Em geral, para a realização de uma avaliação genética, os dados coletados nas fazendas (sistemas de manejo ou alimentação) são enviados aos programas de melhoramento genético por meio de sistemas computacionais, sendo interpretados e estruturados em forma de amostragem para serem utilizados em modelos de análises. Posteriormente, as análises genéticas são realizadas e os resultados são retornados ao criador (MARCONDES; MARQUES; CUNHA, 2008).

A avaliação genética é realizada por meio da aplicação de metodologias estatísticas apropriadas, já que o mérito genético não é mensurável de forma direta (MAGNABOSCO et al., 2001; LÔBO et al., 2008). Nas avaliações genéticas são estimados os valores genéticos dos animais e o conhecimento destes valores constitui importante ferramenta para quem participa de um programa de melhoramento genético, sabendo que o que é expresso pelo animal sofre influência do ambiente ou também pode ser resultado de combinações aleatórias de genes cuja transmissibilidade não é garantida.

Para se obter os valores genéticos é necessário estimar os parâmetros genéticos das populações em questão. Estes parâmetros são definidos pelas relações entre os diferentes componentes da variabilidade fenotípica (TROVO; RAZOOK, 1996). A variabilidade é expressa em termos de variância amostral e, calculando-se as variâncias, determina-se a herdabilidade de uma característica (MARCONDES; MARQUES; CUNHA, 2008). A maior herdabilidade de uma característica significa que o fenótipo expressa o genótipo, e indica que, no processo de seleção, maior será o progresso genético obtido. A predição do valor genético de um animal depende da estimativa da herdabilidade, do número e da qualidade de informações fenotípicas e ambientais e das informações de parentesco entre os animais avaliados (FERRAZ, 1996).

2.3.1 Diferença Esperada na Progénie

Ao se estimar os valores genéticos encontra-se a DEP (Diferença Esperada na Progénie), que representa a metade do valor genético do animal e indica a capacidade de transmissão genética de determinado indivíduo para uma característica particular.

Conforme observam Lôbo et al. (2008), a DEP deve ser utilizada como ferramenta de seleção para que o criador conheça o seu rebanho geneticamente, tenha melhor poder de

decisão ao traçar os objetivos para atingir o progresso genético contínuo e aumentar a produtividade.

As DEPs podem se referir a qualquer característica com possibilidade de ser medida precisamente, como por exemplo, características de peso em diferentes idades, produção de gordura, circunferência escrotal, entre outras. Devem ser utilizadas para comparar animais em uma determinada característica, podendo apresentar valores positivos ou negativos (BERGMANN, 1996).

O valor das DEPs pode sofrer alterações à medida que novas informações são incluídas nos modelos de avaliação genética. Deste modo, seus valores não garantem a superioridade dos filhos em relação aos pais, mas constituem uma indicação que a genética moderna pode oferecer acerca do potencial genético de um reprodutor. Cabe ao criador controlar os demais fatores que afetam o desempenho dos animais. Cabe salientar que, quanto maior o número de informações a respeito de um animal, como o número de filhos, por exemplo, maior é a confiabilidade no valor predito (BERGMANN, 1996).

2.3.2 Lotes de manejo e grupos de contemporâneos

Considerando que as DEPs são utilizadas para comparação de desempenho entre os animais, é necessário o agrupamento daqueles que estiverem sujeitos às mesmas condições de ambiente e isto é obtido através da formação de grupos contemporâneos – grupos comparativos de desempenho (TROVO ; RAZOOK, 1996).

Estes grupos são formados pelos geneticistas, com base nas informações enviadas pelas fazendas aos programas de melhoramento genético para a realização das avaliações genéticas descritas anteriormente. Os grupos são constituídos por animais que receberam o mesmo manejo, a mesma alimentação, nasceram na mesma época ou mesmo ano, pertencentes ao mesmo rebanho, além de serem do mesmo sexo.

As informações provenientes das fazendas são referentes aos lotes de manejo também definidos como grupos de manejo e estes diferem de grupos contemporâneos, pois os grupos de manejo são formados pelos criadores e se referem aos animais nascidos e mantidos juntos, na mesma pastagem, recebendo os mesmos cuidados, inclusive de um mesmo tratador, até o desmame ou até mesmo desmamados numa mesma época e colocados em uma mesma pastagem (FERRAZ ; ELER, 1999). Assim, na obtenção dessas informações é muito importante o papel do criador, pois este terá as melhores condições de identificar corretamente os animais que foram submetidos a um mesmo manejo ou lote (OLIVEIRA, 1996).

Desta maneira, identificando-se estes lotes ou grupos de manejo, consegue-se compor adequadamente os grupos contemporâneos (ELER et al., 2000), o que, de acordo com Magnabosco et al. (2001), é fundamental para as avaliações genéticas.

No momento de realizar as análises genéticas, outros dados são acrescentados às informações fornecidas dos lotes de manejo, como a identificação das fazendas, o sexo dos animais, definindo assim os grupos contemporâneos, já que tais informações são fontes importantes de variação (FERRAZ ; ELER, 1999). A definição incorreta destes grupos pode causar erros, prejudicando a avaliação genética, uma vez que muitos animais poderão ser avaliados incorretamente e trazer consequências graves para o processo de seleção.

Segundo Yamaki (2009), em estudos de avaliações genéticas é uma prática frequente utilizar restrições em banco de dados, sendo as mais comuns as referentes ao número de filhos por macho, número de gerações consideradas nas análises e número de observações de variável classificatória. O autor afirma que, ao se estimar parâmetros genéticos, os resultados podem ser comprometidos ao se utilizar restrições às informações da população, caso estas não sejam realizadas com critério; e esta situação se agrava quando os dados possuem poucas informações ou são poucas as informações de pedigree.

Cobuci, Abreu e Torres (2006) salientam que, caso os dados de campo não sejam informados corretamente, podem ocorrer resultados alterados que comprometerão a credibilidade das avaliações genéticas, além de reduzir o valor comercial do sêmen dos touros. Os autores mostraram um exemplo que é descrito na Tabela 1, abaixo. Pode-se observar pela tabela que o touro B na situação correta apresenta melhor classificação com base na DEP, ao passo que na situação falsa sua posição é ocupada pelo touro A, que antes se encontrava na penúltima posição (correta).

Tabela 1 - Avaliação genética de quatro reprodutores utilizando-se o método BLUP através do modelo touro, de acordo com três situações de obtenção das informações de campo.

Touro	Progênie	Manejo	P205	DEP Correta (Classificação)	DEP Falsa ¹ (Classificação)
A	A1	2	205		
	A2	2	198	-0,78 (3)	+1,84 (1)
	A3	1	130		
B	B1	1	156		
	B2	1	200	+2,80 (1)	+1,54 (2)
C	C1	2	195		
	C2	1	165	+0,39 (2)	+0,31 (3)
D	D1	2	185		
	D2	2	195	-1,99 (4)	-2,40 (4)
	D3	1	145		

¹Animais A1 e A2 foram informados como recebendo o manejo 1.

Fonte: Adaptado de Cobuci, Abreu e Torres (2006)

Como foi descrito anteriormente, quando os lotes de manejo não são informados corretamente, pode ocorrer um prejuízo na composição dos grupos de animais contemporâneos, o que pode tornar impossível a correta identificação dos fatores genéticos, pelo fato de os efeitos de ambiente serem mascarados, podendo levar a menores ganhos genéticos que o esperado e a perda do mérito genético do rebanho, além de perdas econômicas (FERRAZ, 1996).

De acordo com Cobuci, Abreu e Torres (2006), práticas inadequadas realizadas nos criatórios podem diminuir a acurácia dos valores genéticos dos animais, prejudicando os próprios criadores, já que utilizam os sumários de touros avaliados geneticamente. Os autores também afirmam que o resultado inferior das análises genéticas pode ser decorrente de manejos inadequados, desconhecidos até pelo criador, sendo importante que o mesmo seja conscientizado sobre seu papel na qualidade das informações contidas em sumários de touros. Ao fornecê-las com qualidade, haverá aumento da confiabilidade nas análises e o ganho genético anual dos rebanhos de corte será elevado como resultado desta qualidade.

Oliveira (1996) também cita práticas que interferem na formação dos grupos contemporâneos, como: encurtamento da estação de monta, distribuição das progênieis ao longo da estação de monta, controle seletivo, tratamento diferenciado ou mudanças de lotes de manejo sem a correta anotação.

Com relação aos tratamentos diferenciados, o autor ressalta que os responsáveis pelas análises precisam ser comunicados. Em se tratando de mudanças de tipo de manejo, o autor

afirma que grupos contemporâneos em determinadas idades são subdivisões dos grupos que foram utilizados nas idades anteriores.

De acordo com Oliveira (1996), mesmo que sejam utilizadas as mais modernas tecnologias de avaliação genética, o ponto crítico estará na qualidade dos dados informados e na formação dos grupos contemporâneos, fatores que norteiam a definição do limite superior da acurácia. Entende-se acurácia como uma medida da correlação entre o valor estimado e o valor real do parâmetro.

Grupos contemporâneos bem formados permitem comparações bem definidas entre os animais, e os resultados destas comparações evidenciam com mais fidelidade o potencial genético dos animais (TROVO; RAZOOK, 1996).

De acordo com Oliveira (1996), outro fator a ser considerado diz respeito ao tamanho dos grupos. O ideal para um grupo contemporâneo seria conter o maior número possível de animais com menores diferenças possíveis de ambiente, já que, a princípio, quanto maior o número de animais em um mesmo grupo, maior será a acurácia das DEPs preditas. Estatisticamente, isto é explicado considerando-se que a média real de uma população será maior quanto maior for uma amostra selecionada ao acaso.

O autor afirma que lotes de manejo com poucos animais podem resultar em perdas de dados, pois corre-se o risco de não serem avaliados os animais isolados, sem grupos contemporâneos. O mesmo pode ocorrer em lotes formados com filhos de um único touro não fornecendo informação útil para avaliação dos pais. Quanto mais indivíduos houver em cada grupo ou, em outras palavras, quanto menos subdivididos, melhor será para a avaliação genética. Entretanto, se os animais estiverem em condições muito diferentes de ambiente, é melhor dividi-los em mais grupos a fim de homogeneizar os dados. Oliveira (1996) afirma que, por outro lado, quanto mais fatores são considerados, mais grupos serão formados com menor número de animais. Portanto, não há regras para a formação de grupos contemporâneos, contanto que se busque o ponto de equilíbrio em que o melhor resultado possa ser alcançado.

Em trabalhos com suínos das raças Landrace e Pietran, Yamaki (2009) avaliou o impacto de restrição de dados em populações reais e simuladas, comparando estimativas dos componentes de (co) variância e os valores genéticos preditos, em diferentes cenários de restrição. Após simulação em restrição de dados para classes de grupos de contemporâneos, observou alterações nos níveis de GC (grupos contemporâneos), com número mínimo de observações nas populações simuladas em comparação às populações reais.

2.4 Aspectos de gestão

2.4.1 Gestão por processo no agronegócio

A gestão do agronegócio vem sofrendo modificações desde a década de 1990, quando houve a abertura de mercado em vários segmentos da economia brasileira, gerando mudanças no modo de comercialização de diversos produtos agropecuários, antes protegidos por barreiras fiscais e alfandegárias em virtude da competição de mercados externos. Essa abertura aos novos mercados exigiu que as organizações se tornassem eficientes, competitivas, com desempenhos diferenciados, além de produção com qualidade, o que levou à necessidade de gestão nestes setores. A própria alteração do conceito de agricultura para agronegócio refletiu esta preocupação com a gestão da atividade, uma vez que a visão sistêmica obtida dessa alteração conceitual proporcionou avanço científico neste segmento da economia. Para garantir a competitividade, as inovações tecnológica e gerencial se tornaram condições essenciais para todos os envolvidos na cadeia produtiva (CASTRO et al., 1992).

Como explicam Paim et al. (2009), a gestão de processo está associada à tecnologia da informação e qualquer empresa, seja pública, privada ou terceirizada, necessita coordenar seus trabalhos dia a dia através da melhoria contínua em seus processos (nas operações e no aprendizado).

Santos (2014) aponta o recurso humano como fator crítico de sucesso da gestão por processo e, de acordo com Barros (1993), o processo de implementação da qualidade em uma empresa deve passar inicialmente pelo estágio da sensibilização e se complementar com a capacitação técnica de seu pessoal. O autor afirma, ainda, que o imediatismo dos resultados, desconsiderando mudanças culturais e atitudinais em uma empresa, pode interferir no resultado final de qualidade e desta forma é imprescindível o investimento prévio no fator humano.

Na pecuária de corte estes fatores também devem ser considerados e no que diz respeito ao melhoramento genético é importante o treinamento de toda a equipe tanto para a coleta quanto para a informação dos dados ao sistema. A visão sistêmica entende a propriedade de uma maneira mais ampla, considerando não somente a produção e a técnica, mas investindo em recurso humano e definindo metas. Para isto a comunicação é muito importante a fim de garantir o comprometimento e gerar motivação. Estas atitudes podem trazer retorno ao produtor.

2.4.2 Gestão da informação no agronegócio

O avanço tecnológico decorrente da globalização da economia gerou a necessidade também de informações rápidas em todas as áreas. Frente a isto, tornou-se necessário o aprimoramento e a capacitação dos profissionais ligados direta ou indiretamente aos processos inerentes aos diversos setores empresariais.

No campo, as mesmas demandas por tecnologia se apresentam. Cácaro e Lopes (2004), em seu trabalho, apresentam o resultado de uma revisão bibliográfica de pesquisas publicadas no Brasil, desenvolvidas sobre a utilização da tecnologia da informação no agronegócio, especialmente em rebanhos de corte, e concluem que a maioria dos sistemas está voltada para a área econômica/financeira, a zootecnia e a automação.

Na área zootécnica e de melhoramento genético, Cácaro e Lopes (2004) destacam a importância da tecnologia da informação no que diz respeito à formação de arquivos consistentes, à confiabilidade dos registros e à agilidade de produção de informação para a tomada de decisões.

Segundo Marchiori (2002), para que a informação seja acessível é preciso organizá-la e gerenciá-la sendo importante possuir habilidade para criação, busca, análise e interpretação. Neste contexto diferenciar dado da informação e conhecimento se torna relevante. De acordo com Lôbo et al. (2002), no melhoramento animal, dado se trata de uma mensuração de campo enquanto que a informação pode ser compreendida como sendo a relação dos dados ou das mensurações com os parâmetros de referência. O conhecimento, por sua vez, necessita de comparações das informações e suas ligações.

Neste contexto, a certificação tem sido o meio utilizado para garantir a qualidade das informações utilizadas para a predição dos valores genéticos dos animais. Deste modo, no processo de avaliação genética, a tecnologia da informação e gestão da qualidade auxiliam na coleta de campo, que é imprescindível para a qualidade na predição dos valores genéticos.

Lôbo e Faria (2008) apontaram a importância de um programa de qualidade da informação aplicada ao melhoramento genético, com investimento em tecnologias como servidores de banco de dados de alto desempenho, programas baseados em navegadores e rede internet.

2.4.3 Programa Nelore Brasil

Neste tópico faz-se uma breve apresentação dos processos de avaliação genética do Programa Nelore Brasil da Associação Nacional dos Criadores e Pesquisadores (ANCP), conforme descritos por Lôbo et al. (2013).

Os critérios para inclusão no Programa de Melhoramento Genético da ANCP compreendem o cadastramento das fazendas no Programa e o atendimento de requisitos básicos: infraestrutura adequada, como curral e balança; equipe de campo para coleta de dados; como peso e perímetro escrotal; identificação individual, e de maneira sequencial, dos animais, a fim de evitar erros durante a avaliação genética. O armazenamento de dados pelas fazendas é realizado através de *softwares* de gerenciamento que possibilitem a exportação dos dados para a base.

Após cadastradas, as fazendas recebem a visita de técnicos da ANCP, de caráter obrigatório, cujo objetivo é orientar o produtor sobre os processos de melhoramento genético e exportar os dados do *software* da fazenda para a sua implantação no programa. Além disso, é realizado o treinamento da equipe de trabalho acerca da qualidade na coleta de dados a campo, do posterior envio dos dados à base e da utilização das tecnologias ANCP. As fazendas enviam informações como peso e perímetro escrotal, respeitando os cronogramas disponibilizados pelo Programa. Uma vez que os dados são enviados à base do programa de melhoramento genético, são realizadas as avaliações genéticas (quatro vezes ao ano) dos animais para, posteriormente, serem analisadas pelos consultores ANCP e criadores durante a visita denominada ATA (Acompanhamento Técnico Anual). Esta visita também é de caráter obrigatório e se refere à definição dos objetivos e critérios a serem utilizados para a seleção do rebanho. Nesta ocasião é realizado outro treinamento sobre o envio de dados e o uso das tecnologias do programa.

Assim, as fazendas participantes dos programas de melhoramento genético da ANCP podem aderir à certificação Global G e obter selos de qualidade G1 (qualidade da informação), G2 (melhoramento genético) e G3 (sustentabilidade genética), de acordo com o cumprimento dos protocolos estabelecidos. O certificado Global G foi desenvolvido pela empresa Ecolog Consultoria Integrada em parceria com a ANCP, buscando a identificação das fazendas que visam melhorias em seu processo produtivo através da qualidade da informação, da utilização de técnicas eficientes no melhoramento genético e na contribuição ao meio ambiente utilizando uma pecuária sustentável.

As certificações são uma forma de comprovar que as propriedades possuem qualidade em seus processos levando à credibilidade nas negociações. Com relação à qualidade da informação, o selo G1 relaciona-se à qualidade dos dados coletados nas fazendas, e para a obtenção deste selo as fazendas necessitam cumprir requisitos obrigatórios em sua totalidade como informação correta dos lotes de manejo, verificação e calibração periódica dos equipamentos de pesos e medidas, manutenção da fazenda no programa de melhoramento, uso de planilhas adequadas e cumprimento do número de pesagens estabelecido. A qualidade das informações reflete diretamente nas avaliações genéticas, retornando ao pecuarista na forma de resultados confiáveis.

3 MATERIAL E MÉTODOS

Para o presente estudo considerou-se informações, obtidas nos anos de 2012 a 2013, de bovinos da raça Nelore, pertencentes a fazendas participantes do Programa Nelore Brasil da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). As fazendas passaram por auditoria quanto à qualidade da informação zootécnica e foram certificadas garantindo o recebimento do selo Global G1.

Para verificação da importância da qualidade da informação dos dados de campo, considerou-se o lote ou grupo de manejo como critério de avaliação. Foram analisadas as características de crescimento relacionadas aos pesos padronizados aos 120 (P120), 210 (P210), 365 (P365) e 450 (P450) dias de idade.

Com o intuito de avaliar a importância da informação correta de lotes de manejo na estimação de parâmetros genéticos e predição dos valores genéticos, considerou-se os seguintes cenários: (a) conjunto de dados com a inclusão de todas as informações de campo, coletadas adequadamente, e descrição do lote de manejo dos animais que possuem mensurações fenotípicas (REF); (b) conjunto de dados com inclusão aleatória de 90% das informações do lote de manejo (90LM); (c) conjunto de dados com inclusão aleatória de 70% das informações do lote de manejo (70LM); (d) conjunto de dados com inclusão aleatória de 50% das informações do lote de manejo (50LM); (e) conjunto de dados com inclusão aleatória de 30% das informações do lote de manejo (30LM); (f) conjunto de dados sem a informação do lote de manejo dos animais com medidas fenotípicas (0LM).

A estruturação dos arquivos de dados foi realizada com a utilização do programa Statistical Analysis System (SAS, 2004). A definição dos grupos de animais contemporâneos para verificação das características de crescimento considerou: (i) fazenda, ano e estação de nascimento, sexo e lote de manejo aos 120 dias para P120; (ii) fazenda, ano e estação de nascimento, sexo, regime alimentar e lote de manejo aos 120 e 210 dias para P210; (iii) fazenda, ano e estação de nascimento, sexo, regime alimentar e lote de manejo aos 120, 210 e 365 dias para P365; (iv) fazenda, ano e estação de nascimento, sexo, regime alimentar e lote de manejo aos 120, 210, 365 e 450 dias para P450. O cenário 0LM não inclui o lote de manejo na formação dos grupos contemporâneos em virtude da ausência dessa informação.

O efeito de estação de nascimento foi dividido em quatro classes: animais nascidos nos meses de agosto a outubro (classe 1), novembro a janeiro (classe 2), fevereiro a abril (classe 3) e maio a julho (classe 4). Eliminaram-se as informações fenotípicas dos animais que

apresentaram valores fenotípicos superiores ou inferiores a 3,5 desvios padrão somados ao valor médio do seu grupo de animais contemporâneos.

No banco de dados foram obtidas as seguintes informações: os animais com peso aos 120 dias de idade (P120) eram filhos de 132 touros e 9072 vacas; os animais com peso aos 210 dias de idade (P210) eram filhos de 104 touros e 7664 vacas; os animais com P365 eram filhos de 102 touros e 6533 vacas, e os animais com P465 eram filhos de 89 touros e 3887 vacas.

Os parâmetros genéticos das características de crescimento foram estimados mediante análises unicaracterísticas sob modelo animal utilizando a estatística bayesiana por meio do aplicativo MTGSAM (*Multiple Trait Gibbs Sampler for Animal Models*) desenvolvido por Van Tassell; Van Vleck; Gregory, (1998). Considerou-se o grupo de animais contemporâneos (GC) e a classe de idade da vaca ao parto (IVP) como efeitos aleatórios de variação ambiental. O modelo completo pode ser representado em notação matricial como:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2m + e$$

Em que y é o vetor das observações, β é o vetor dos efeitos aleatórios de ambiente, a é o vetor dos efeitos aleatórios que representam os valores genéticos aditivos diretos de cada animal, m é o vetor dos efeitos aleatórios que representam os valores genéticos aditivos maternos de cada animal, e o vetor de efeitos aleatórios residuais, e X , Z_1 e Z_2 são as matrizes de incidência que relacionam as observações aos efeitos aleatórios de ambiente e aos efeitos aleatórios genéticos aditivos direto e materno, respectivamente. Ressalta-se que o efeito aleatório genético aditivo materno foi incluído somente nas análises para os pesos aos 120 (120) e 210 (P210) dias de idade, já o efeito de ambiente permanente materno não foi considerado no modelo por não haver fêmeas com mais de um filho no banco de dados (medidas repetidas).

O arquivo de genealogia foi composto por 30.125 animais, com consanguinidade média de 2,7%, totalizando 10.235 animais com algum grau de endogamia. Na aplicação do amostrador de Gibbs, foi utilizado um tamanho de cadeia inicial de 300.000 ciclos, sendo que os primeiros 50.000 ciclos foram descartados e as amostras retiradas a cada 1.000 ciclos, totalizando 250 amostras de componentes de variância e parâmetros genéticos. As análises das amostras, da correlação serial e da convergência da cadeia de Gibbs foram realizadas com o auxílio do programa GIBANAL (VAN KAAM, 1998). O parâmetro v é o grau de liberdade correspondente à distribuição Wishart Invertida, indicando o grau de confiabilidade da

distribuição inicial. Neste estudo, o parâmetro v utilizado foi de valor zero, ou seja, não refletia nenhum grau de conhecimento sobre os parâmetros.

Para verificar possíveis alterações na classificação dos animais, com base na comparação dos valores genéticos obtidos a partir de informações corretas (conjunto de dados referência) e aqueles obtidos sem adequada qualidade de informação, utilizou-se a correlação de posto ou *Spearman* (SAS, 2004).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Ao considerar os diferentes cenários de inclusão das informações de lotes de manejo para a avaliação genética das características de crescimento, verificaram-se alterações na estrutura dos arquivos para avaliação genética (Tabela 2) após o tratamento estatístico dos dados. Essas informações de campo são utilizadas na composição dos grupos de animais contemporâneos (GC), necessários no modelo animal para a estimação do BLUE (melhor estimador linear não viesado) e a predição do BLUP (melhor preditor linear não viesado).

Observa-se na Tabela 2 que praticamente não houve mudanças nos valores médios fenotípicos das características de crescimento, bem como nas estimativas de desvio-padrão e coeficiente de variação dos dados avaliados considerando os diferentes cenários de inclusão de informações de lotes de manejo. Entretanto, houve alterações no número de animais com mensurações fenotípicas para as características de crescimento avaliadas. Esse resultado é o reflexo do tratamento estatístico realizado no banco de dados antes do procedimento para avaliação genética. Conforme descrito, são eliminados os valores fenotípicos considerados *outliers* dentro do grupo contemporâneo. Assim, os valores fenotípicos da característica avaliada, com valores de 3,5 desvios padrão, acima ou abaixo da média do seu grupo contemporâneo, são eliminados.

Para a composição dos grupos de animais contemporâneos foram incluídos os efeitos ambientais referentes aos lotes de manejo, dessa forma pode ser verificado na Tabela 2 que, à medida que foi alterado o número de informações sobre os lotes de manejo, ocorreram grandes mudanças na quantidade de grupos contemporâneos para as características de crescimento avaliadas.

Tabela 2 - Estatística descritiva considerando os diferentes cenários de inclusão das informações de lotes de manejo.

Característica	Nº Animais	Média	DP	CV(%)	Nº GC
REF					
P120	10.045	134	19	14	564
P210	7.672	198	28	14	537
P365	6.533	247	41	16	710
P450	3.890	287	50	17	460
90LM					
P120	10.033	133	19	14	593
P210	7.532	200	28	14	646
P365	6.252	248	41	16	826
P450	3.647	288	50	17	530
70LM					
P120	10.009	133	19	14	537
P210	7.498	200	28	14	664
P365	6.124	247	41	17	868
P450	3.405	286	52	18	533
50LM					
P120	9.991	133	19	14	454
P210	7.500	198	28	14	589
P365	6.125	246	41	18	788
P450	3.449	285	51	18	513
30LM					
P120	10.008	133	19	14	382
P210	7.526	198	28	14	467
P365	6.198	245	40	17	570
P450	3.570	284	50	18	386
0LM					
P120	10.113	134	19	14	66
P210	7.784	198	28	14	65
P365	6.763	247	41	16	69
P450	4.076	287	50	17	46

DP: Desvio padrão, CV: coeficiente de variação; GC: Grupo contemporâneo

Essas mudanças na quantidade de grupos contemporâneos são verificadas, principalmente, no cenário 0LM, em que não foram incluídas as informações de lotes de manejo no banco de dados para as características de crescimento avaliadas (Tabela 2). Nessa condição, os grupos contemporâneos apresentaram-se em menor número, porém com maior quantidade de animais em cada grupo contemporâneo. Apesar de Oliveira (1996) ressaltar que quanto maior o número de animais em um mesmo grupo contemporâneo maior poderá ser a confiabilidade nas predições das DEPs, observou-se que, no presente estudo, o aumento do número de animais por grupo foi reflexo da pouca qualidade da informação dos efeitos ambientais.

Os resultados corroboram com Yamaki (2009) que também observou alterações no número de grupos contemporâneos ao simular restrições de dados, afirmando que ao realizar análises a partir de dados com pouca informação, os resultados podem ser comprometidos.

Dessa forma, infere-se que poderá ocorrer uma maior variação dos efeitos residuais nas análises genéticas ou, até mesmo, uma superestimação dos efeitos aleatórios genéticos aditivos.

Na Tabela 3 são apresentadas as estimativas dos componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos para as características de crescimento, considerando os diferentes cenários de inclusão das informações de lotes de manejo. Observa-se que ocorreram alterações em todos os componentes de (co)variância e nos parâmetros genéticos quando comparados aos obtidos pelo cenário de referência (REF), que continha as informações corretas dos lotes de manejo dos animais com mensurações fenotípicas.

A Tabela 3 evidencia, ainda, que houve um aumento nas estimativas de herdabilidade para as características de crescimento à medida que se reduziu o número de informações sobre os lotes de manejo, exceto para os cenários 90LM e 70LM, que apresentaram poucas alterações entre si, embora com estimativas de herdabilidade inferiores ao cenário de referência.

Tabela 3 - Estimativas médias dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para as características de crescimento de bovinos da raça Nelore, considerando os diferentes cenários de inclusão das informações de lotes de manejo.

Parâmetros Genéticos	Cenários					
	REF	90LM	70LM	50LM	30LM	0LM
P120						
σ_a^2	24,76	13,19	8,70	14,71	27,32	72,03
σ_{am}^2	-5,87	-0,18	-2,58	-10,69	-7,68	-25,82
σ_m^2	43,16	18,92	12,95	18,52	16,27	63,23
σ_r^2	153,02	117,60	93,81	88,24	93,93	143,37
h_a^2	0,11	0,08	0,07	0,13	0,21	0,28
h_m^2	0,20	0,12	0,11	0,16	0,12	0,24
r_{am}	-0,16	0,02	-0,21	-0,63	-0,34	-0,37
P210						
σ_a^2	73,25	39,93	25,49	48,14	86,88	187,42
σ_{am}^2	-23,86	-16,93	2,27	-5,73	-11,56	-60,37
σ_m^2	59,48	21,38	9,96	2,36	7,75	75,26
σ_r^2	289,29	225,89	170,47	156,05	167,31	320,44
h_a^2	0,18	0,14	0,12	0,23	0,34	0,35
h_m^2	0,14	0,07	0,04	0,01	0,03	0,14
r_{am}	-0,33	-0,57	0,39	-0,57	-0,61	-0,50
P365						
σ_a^2	94,07	45,30	32,78	36,81	77,04	205,87
σ_r^2	408,93	309,05	232,28	224,32	258,95	503,72
h^2	0,18	0,12	0,12	0,14	0,22	0,28
P450						
σ_a^2	148,92	71,92	54,92	124,01	234,53	419,11
σ_r^2	453,30	362,91	286,04	202,11	183,97	430,94
h^2	0,24	0,16	0,16	0,37	0,55	0,49

σ_a^2 : variância genética aditiva direta; σ_{am}^2 : covariância entre os efeitos aditivos direto e materno; σ_m^2 : variância genética aditiva materna; σ_r^2 : variância residual; h^2_a : coeficiente de herdabilidade para os efeitos genéticos aditivos direto; h^2_m : herdabilidade do efeito materno; r_{am} : correlação genética aditiva entre os efeitos direto e materno.

Ao avaliar a variância genética aditiva para todas as características de crescimento, observa-se que a mesma aumentou quando se reduziu o número de informações sobre os lotes de manejo; assim, pode-se inferir que houve desvio de parte da variação do componente ambiental para o componente relacionado aos efeitos genéticos, o que provocou uma superestimação.

Esses resultados sugerem que o progresso genético estimado para os rebanhos que apresentam baixa qualidade da informação zootécnica pode não expressar adequadamente o que realmente está ocorrendo com o rebanho, uma vez que as estimativas de herdabilidade podem estar infladas.

Na Tabela 4, a seguir, é apresentada a estatística descritiva dos valores genéticos para as características de crescimento avaliadas. Observa-se que os valores com maior discrepância, em comparação aos obtidos quando se utilizou o banco de dados com qualidade na informação zootécnica, foram àqueles obtidos no cenário sem a inclusão da informação dos lotes de manejo para composição dos grupos de animais contemporâneos.

Na ausência de informações sobre os lotes de manejo (0LM), os grupos contemporâneos sofreram alterações e, consequentemente, os valores genéticos preditos para as características de crescimento também se alteraram. Assim, as análises genéticas chegaram a resultados viesados e, neste caso, em valores genéticos superestimados, em conformidade com o que é relatado por Ferraz (1996). Valores genéticos superestimados podem levar a enganos quanto a escolha dos animais.

Ao avaliar a média dos valores genéticos preditos, verifica-se que, para os efeitos genéticos aditivos maternos dos pesos aos 120 e 210 dias de idade, a alteração na qualidade da informação interferiu negativamente, levando à redução dos valores genéticos médios dos rebanhos avaliados.

Tabela 4 - Médias dos valores genéticos preditos (diretos e maternos) para as características de crescimento, avaliadas em bovinos da raça Nelore, considerando os diferentes cenários de inclusão das informações dos lotes de manejo.

Valores Genéticos	REF	90LM	70LM	50LM	30LM	0LM
Médias						
DP120	0,85	0,48	0,45	0,73	1,50	3,26
MP120	0,61	0,40	-0,01	-0,35	-0,18	-0,87
DP210	1,84	0,92	0,69	1,60	3,09	6,36
MP210	0,09	-0,21	0,09	-0,18	-0,36	-1,78
P365	2,14	0,80	0,74	1,14	2,50	5,77
P450	3,56	1,62	1,58	2,88	5,87	10,24
Desvio Padrão						
DP120	1,80	1,27	1,01	1,22	2,32	4,79
MP120	2,61	1,58	1,12	1,37	1,11	2,93
DP210	3,46	2,27	1,99	2,89	4,69	8,74
MP210	2,14	1,09	0,73	0,30	0,50	2,91
P365	4,37	2,59	2,06	1,99	3,75	9,16
P450	5,65	3,28	2,75	4,45	7,95	14,09
Valor Mínimo						
DP120	-6,24	-3,85	-2,33	-5,31	-8,34	-12,26
MP120	-13,58	-6,17	-5,77	-8,82	-7,45	-18,97
DP210	-13,32	-6,25	-7,20	-13,85	-23,55	-26,30
MP210	-14,67	-13,20	-3,63	-2,65	-2,97	-22,79
P365	-14,04	-8,20	-7,19	-9,52	-16,16	-27,12
P450	-22,46	-9,35	-11,16	-25,32	-41,74	-47,44
Valor Máximo						
DP120	18,36	11,86	11,14	9,81	13,26	34,61
MP120	14,82	9,90	6,69	7,19	5,53	16,75
DP210	41,52	30,47	21,86	23,93	25,18	70,49
MP210	11,04	4,16	3,98	1,39	2,22	8,45
P365	44,05	31,08	25,41	18,06	22,44	81,52
P450	54,18	39,24	35,19	39,05	48,73	100,88

DP120: valor genético aditivo direto do P120; MP120: valor genético aditivo materno P120; DP210: valor genético aditivo direto do P210; MP210: valor genético aditivo materno do P210.

Por fim, observa-se na Tabela 4 que, mesmo nos cenários de inclusão das informações, (90LM) ou (70LM), houve alterações nas estimativas de médias dos valores genéticos preditos para todas as características de crescimento avaliadas. Dessa forma, pode-se inferir que qualquer equívoco na informação, como por exemplo, dos lotes de manejo, interferem na predição dos valores genéticos e na correta identificação dos animais geneticamente superiores. Resultados semelhantes foram relatados por Cobuci, Abreu e Torres (2006).

Na Tabela 5, abaixo, são apresentadas as correlações de posto ou *Spearman* dos valores genéticos obtidos a partir de dados com qualidade na informação (cenário REF), em três grupos de acurácia dos valores genéticos, comparados aos obtidos nos diferentes cenários

de inclusão das informações de lotes de manejo. Verifica-se que houve alteração na classificação dos animais para todas as características de crescimento avaliadas.

Tabela 5 - Correlação de posto ou *Spearman* entre os valores genéticos preditos para as características de crescimento considerando o cenário de referência (REF), em três grupos de acurácia dos valores genéticos, com aqueles preditos em diferentes níveis de inclusão das informações de lotes de manejo.

	90LM	70LM	50LM	30LM	0LM
Valores Genéticos com Acurácia ≤ 30%					
P120	0,82	0,75	0,43	0,74	0,87
MP120	0,83	0,64	0,36	0,55	0,69
P210	0,90	0,64	0,78	0,79	0,91
MP210	0,57	0,57	0,02	0,19	0,45
P365	0,71	0,71	0,64	0,64	0,81
P450	0,81	0,77	0,74	0,71	0,81
Valores Genéticos com Acurácia entre 31% a 69%					
P120	0,90	0,80	0,74	0,77	0,86
MP120	0,91	0,80	0,58	0,64	0,75
P210	0,90	0,79	0,76	0,77	0,88
MP210	0,82	0,68	0,02	0,29	0,63
P365	0,88	0,82	0,68	0,72	0,88
P450	0,92	0,76	0,59	0,58	0,74
Valores Genéticos com Acurácia ≥ 70%					
P120	0,89	0,76	0,68	0,79	0,87
MP120	0,93	0,88	0,81	0,81	0,88
P210	0,95	0,85	0,63	0,63	0,88
MP210	0,83	0,75	0,14	0,72	0,92
P365	0,93	0,84	0,59	0,57	0,85
P450	0,94	0,55	0,42	0,40	0,47

Esses resultados corroboram a conclusão a que chegaram Ferraz e Eler (1999) em seu estudo: as falhas de informações nos lotes de manejo influenciam na formação dos grupos de contemporâneos e, consequentemente, causam alterações na avaliação genética dos animais. Quando os lotes de manejo não são devidamente informados, há o risco de ocorrer uma seleção equivocada, uma vez que a alteração de classificação pode favorecer animais que talvez não apresentem o potencial genético esperado.

Em relação aos valores genéticos aditivos maternos, a influência da alteração na qualidade da informação foi evidenciada por mudanças na classificação dos animais, comparados aos valores genéticos obtidos para todas as características avaliadas, com banco de dados de qualidade (Cenário REF).

São incontestáveis as demandas por qualidade do mercado mundial. Para alcançar o desejado padrão de qualidade, os teóricos da administração chamam a atenção para a

adequada gestão dos processos e dos recursos humanos, principalmente o pessoal envolvido com a coleta de dados e a tecnologia da informação.

Os resultados apresentados neste estudo demonstraram que erros na coleta de dados poderão levar o empresário rural à tomada de decisões que não contribuirão para o desenvolvimento de seu negócio. Na era do conhecimento, em que a informação por si só não diz nada, se a coleta de dados não for feita de forma confiável, os modelos matemáticos podem produzir informações equivocadas.

Conforme citado por Santos (2014), os recursos humanos são um importante ponto crítico na confiabilidade da informação, e o controle desse ponto crítico passa pelo controle dos processos. De acordo com Barros (1993) para garantir a aplicabilidade e eficácia da qualidade, o treinamento técnico realizado através de ferramentas necessárias, estatística entre outros, deve se integrar ao estudo da origem, conceito, princípios e fundamentos da qualidade como ciência.

No melhoramento genético bovino, os resultados não são visualizados em curto prazo. É preciso conhecimento, pesquisa e treinamento de todos os envolvidos. Neste contexto o imediatismo citado por Barros (1993) poderá acarretar prejuízos ao pecuarista.

No caso da coleta de dados dos animais, o processo deverá ser não só mapeado, mas alinhado ao contexto geral da economia nacional e mundial. Não basta mapear o processo e controlá-lo, é necessário também divulgá-lo para toda a cadeia de usuários, principalmente para os funcionários envolvidos diretamente na coleta, a fim de que compreendam, por exemplo, a importância de informar, com critérios claros, o lote de manejo a que o animal foi submetido, tendo em vista todas as alterações demonstradas na presente pesquisa.

Ao final deste trabalho pode-se afirmar que esta premissa é perfeitamente aplicável na busca por qualidade em programas de melhoramento genético de bovinos de corte. A pecuária tem muito a lucrar com o modelo sistêmico de administração, uma vez que este é perfeitamente adaptável ao meio rural e oferece soluções de gestão da informação, essencial aos trabalhos em melhoramento genético.

5 CONCLUSÃO

A qualidade da informação zootécnica influencia a predição dos valores genéticos para as características de crescimento de bovinos da raça Nelore.

Essa influência provoca alterações na classificação dos animais, o que pode levar à redução do ganho genético dos rebanhos, devido ao uso de animais erroneamente identificados como melhoradores.

Recomenda-se atenção quanto ao fornecimento da informação correta dos lotes de manejo aos programas de melhoramento genético, para a obtenção de predições acuradas dos valores genéticos para as características de interesse.

REFERÊNCIAS

ABCZ. Associação Brasileira dos Criadores de Zebu.2013. Disponível em: <<http://www.abcz.org.br>>. Acesso em: 26 nov. 2013.

ABCZ. Associação Brasileira de Criadores de Zebu. **Regulamento do serviço de registro genealógico das raças zebuínas**. Uberaba: ABCZ, 2007, 138p.

ABCZ. Associação Brasileira de Criadores de Zebu. **Programa de melhoramento genético das raças zebuínas**. Uberaba: ABCZ, 2003, 96p. Disponível em: <<http://www.abcz.org.br/Content/arquivos/AreaTecnica/Manual/Regulamento PMGZ.pdf>> Acesso em : 20 mar.2013.

ALENCAR, M.M; BARBOSA, P.F. Melhoramento genético de gado de corte no Brasil. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 8., 2010, Maringá. **Anais...** Maringá: SBMA, 2010. CD-ROM. Disponível em: <<HTTP://www.alice.cnptia.embrapa.br/handle/doc/856665>>. Acesso em 18 fev. 2014.

BARROS, C. D. C. **Sensibilizando para a qualidade**. Rio de Janeiro: Qualitymark, 1993. 95 p.

BERGMANN, J.A.G. Modelo animal, DEP e acurácia. In: CURSO SOBRE AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BOVINOS DE CORTE EM GOIÁS, 1.,1996, Goiânia. **Anais...** Goiânia: Núcleo Regional de Goiânia do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore, USP, 1996. p.51-68.

CASTRO, A. M. G. et al. Enfoque sistêmico, P&D na agropecuária e formação de capacitação técnica na Embrapa. In: SIMPÓSIO DE GESTÃO DA INOVAÇÃO TECNOLÓGICA, 17, **Anais ...** São Paulo: USP/FEA/IA/PACTO, 1992.

COBUCI, J.A.; ABREU, U.G.P.; TORRES, R.A. **Formação de grupos contemporâneos em bovinos de corte**. 21.ed. Corumbá: Embrapa Pantanal, 2006. Disponível em: <<http://www.cpap.embrapa.br/publicacoes/online/DOC87.pdf>>. Acesso em: 20 mar. 2013.

CÓCARO, H.; LOPES, M.A. O uso de softwares para a bovinocultura de corte: uma revisão da literatura. **Revista Brasileira de Agroinformática**, Viçosa v. 6, n. 1, p. 64-78, 2004.

ELER, J.P. et al. Influência da Interação Touro x Rebanho na Estimação da Correlação entre Efeitos Genéticos Direto e Materno em Bovinos da Raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.20, n.6, p.1642-1648, 2000.

FARIA, C.U. et al. Bayesian inference in a quantitative genetic study of growth traits in Nelore cattle (*Bos indicus*). **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.30, n. 3, jan. 2007. Disponível em: <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1415-47572007000400007>. Acesso em: 26 nov. 2013.

FARIA, C. U. et al. Impactos dos acasalamentos genéticos otimizados na produtividade dos rebanhos bovinos de corte. In: **Princípios e resultados de pesquisas científicas do programa Nelore Brasil**. Ribeirão Preto: ANCP, 2008. p.15-26.

FERRAZ, S.B.J.; ELER, P.J. Seleção de zebuínos para características produtivas. In: **SIMPÓSIO DE PRODUÇÃO DE GADO DE CORTE**, 1. GRUPO DE MELHORAMENTO ANIMAL UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO . São Paulo. **Anais...**São Paulo: Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Pirassununga, SP, 1999. 22p.

FERRAZ, J.B.S. Cruzamento e avaliação genética. In: **CURSO SOBRE AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BOVINOS DE CORTE EM GOIÁS**, 1.,1996, Goiânia. **Anais...**Goiânia: Núcleo Regional de Goiânia do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore, USP, 1996. P. 89-115.

IBGE .Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Brasil em números**. 2013. Disponível em: <http://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/periodicos/2/bn_2013_v21.pdf>. Acesso em: 26 nov. 2013.

JOSAHKIAN, L.A. Grupos de contemporâneos e conectabilidade. In: **CURSO SOBRE AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BOVINOS DE CORTE EM GOIÁS**, 1.,1996, Goiânia. **Anais...**Goiânia: Núcleo Regional de Goiânia do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore, USP, 1996. p.1-7.

LÔBO, R.B. et al. **Avaliação genética de touros e matrizes da raça Nelore**. Ribeirão Preto: ANCP, 2008. 124p.

LÔBO, R.B. et al. ANCP. Associação de criadores e pesquisadores. 2013. Disponível em:< <http://www.ancp.org.br/pagina/28/nelore#.U-63pPldXQU>>. Acesso em: 20 mar. 2013.

LÔBO, R. B.; FARIA,C. U. **Princípios e resultados de pesquisas científicas do Programa Nelore Brasil: programa de melhoramento genético da raça Nelore**. Ribeirão Preto: [s.n], 2008. 360 p

LÔBO, R.B.; MARCONDES, C.R.; VOZZI, P.A.; LIMA, F.P.; BEZERRA, L.A.F. A tecnologia da informação e a sustentabilidade da raça Nelore. In: **SEMINÁRIO NACIONAL DE CRIADORES E PESQUISADORES**, 11. 2002, **Anais...**, Ribeirão Preto: FMRP-USP, CD-ROM, 12p.

MAGNABOSCO, et al. Desempenho do componente animal no sistema PIAP. In: **WORKSHOP INTERNACIONAL PROGRAMA DE INTEGRAÇÃO AGRICULTURA E PECUÁRIA PARA O DESENVOLVIMENTO SUSTENTÁVEL DAS SAVANAS**

SULAMERICANAS, 2001, Santo Antônio de Goiás. **Anais...** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2001. p.31-45. (Embrapa Arroz e Feijão, Documentos, 123).

MAPA. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento .Assessoria de Gestão Estratégica. **Projeções do Agronegócio – Brasil – 2012/13 a 2022/23.** 96p. 2013. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br>. Acesso: 07 Jun. 2014.

MARCHIORI, P.Z. A ciência e a gestão da informação: compatibilidades no espaço profissional. **Ci. Inf.**, Brasília, v. 31, n. 2, Aug. 2002. Disponível em:<http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S010019652002002000008&lng=en&nrm=iso>. Acesso em: 18 fev 2014.

MARCONDES, C.R.; MARQUES, J.R.F.; CUNHA, B.R.N. Melhoramento genético em bubalinos. In: AMAZONPEC, 1, 2008, Belém. **Anais...** Belém: Hangar, 2008.

NOMELINI, J. **Aplicação de metodologias de extração de conhecimentos em pesquisas e gerenciamento de programa de melhoramento genético em bovinos da raça Nelore.** 2006. 113f. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas) – Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Ribeirão Preto, 2006.

OLIVEIRA, H.N. Grupos de contemporâneos e conectabilidade. In: CURSO SOBRE AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BOVINOS DE CORTE EM GOIÁS, 1., 1996, Goiânia. **Anais...** Goiânia: Núcleo Regional de Goiânia do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore, USP, 1996. p.39-50.

PAIM, R. et al. **Gestão de processos:** pensar, agir, aprender. Porto Alegre: Bookman, 2009.

PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal.** 6.ed. Belo Horizonte: FEPMVZ, 2012. 758p.

PEROTTO, D. **Raças e cruzamentos na produção de bovinos de corte.** Curitiba: SENAR, 2000.

SANTANA, M.B.; SILVA, M.S.V. Marketing e agribusiness: análise mercadológica e divulgação do gado Nelore melhorado geneticamente da fazenda Alô Brasil. **Revista Administra-Ação**, Anápolis, n.8, p. 48-71, 2013.

SANTOS, R. F. **Gestão por processo:** fundamentos. 2014. Disponível em <<http://pt.slideshare.net/Ridlo/gesto-por-processo>>. Acesso em 20 jan. 2014>Acesso em: 20 mar. 2014.

SAS INSTITUTE INC. **Statistical Analysis System.** . Cary, NC: SAS Institute Inc., 2004. (**OnlineDoc® 9.1.3**).

TROVO, J.B.F.; RAZOOK, A.G. Fundamentos da avaliação genética. In: CURSO SOBRE AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BOVINOS DE CORTE EM

GOIÁS, 1.,1996, Goiânia. **Anais...**Goiânia: Núcleo Regional de Goiânia do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore, USP, 1996. p.12-37.

VAN KAAM J.B.C.H.M. **Gibanal 2.9**: analyzing program for Markov Chain Monte Carlo Sequences. Wageningen, The Netherlands: Department Animal Sciense, Wageningen Agricultural University, 1998.

VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D.; GREGORY, K.E. Bayesian analysis of twinning and ovulation rates using a multiple-trait threshold model and Gibbs sampling. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.76, p.2048-2061, 1998.

YAMAKI, M. **Impactos da restrição de dados na avaliação genética animal**.189f. 2009. Dissertação (Doutorado) – Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2009.