

Avaliação de Métodos de Padronização dos Pesos Corporais às Idades de 205, 365 e 550 Dias

Raimundo Nonato Braga Lôbo¹, Raimundo Martins Filho²

RESUMO - Foram comparados métodos de padronização dos pesos corporais às idades de 205, 365 e 550 dias. Utilizaram-se informações de animais da raça Nelore, criados na região Nordeste e controlados pela Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ). Compararam-se os métodos: MET1 - utilizado pela ABCZ; MET2 - curvas individuais de regressão linear para cada animal; MET3 - curvas individuais de regressão quadrática; MET4 - curvas individuais de Brody; MET5 - utilizado pelo Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN); e MET6 - curvas individuais de Richards. Houve diferenças entre as médias dos pesos corporais calculadas pelos diferentes métodos. Foram verificadas altas correlações entre os métodos. As estimativas de variâncias e de parâmetros genéticos foram diferentes entre os métodos. Os métodos em execução no Brasil apresentam diferenças quanto à sua aproximação em representar a curva de crescimento dos animais. Apesar das altas correlações genéticas e de classificação dos animais por seus valores genéticos, as diferenças nesta classificação podem influenciar o processo de seleção e a resposta esperada à esta seleção.

Palavras-chave: bovinos de corte, curva de crescimento, métodos de padronização, modelos não lineares, pesos corporais

Evaluation of Body Weight Standardization Methods for 205, 365 and 550 Days of Age

ABSTRACT - Methods of standardization of body weight for 205, 365 and 550 days of age were compared. It was used information of animals of the Nelore breed, raised in the Northeast Brazil, and controlled by the Brazilian Zebu Breeders Association (ABCZ). The following methods were compared: MET1 - used by ABCZ; MET2 - individual curves of linear regression for each animal; MET3 - individual curves of quadratic regression; MET4 - individual Brody curve; MET5 - used by the Program of Genetic Improvement of the Nelore breed (PMGRN); and MET6 - individual Richards curves. There were differences among the means of the body weights calculated by the different methods. High correlations were verified among the methods. The variance and genetic parameters estimates were different among the methods. There were differences among methods used in Brazil with respect to their approach with the growth curve of the animals. In spite of the high genetic correlations and classification of the animals by their breeding values, the differences in this classification may influence the selection process and the expected response to it.

Key Words: beef cattle, body weights, growth curves, non linear models, standardization methods

Introdução

Sabe-se que o crescimento dos bovinos não se apresenta de forma linear. Esta não linearidade dificulta a padronização dos pesos corporais a determinadas idades, uma vez que nas criações comerciais os animais são pesados em idades distintas por imposições de ordem prática. A padronização é necessária para que se torne possível a comparação dos desempenhos dos animais. Em bovinos de corte, principalmente zebuínos, são utilizadas as idades padrão de 205, 365 e 550 dias.

Os métodos de padronização em uso no Brasil utilizam fórmulas que apresentam em sua estrutura o ganho de peso em determinado período. Entretanto, esse ganho de peso é considerado como sendo constante dentro do período, admitindo-se crescimento linear.

As principais experiências sobre o crescimento e o desenvolvimento ponderal começaram com as pesquisas de Hammond (1932) e dos membros da Escola de Cambridge, prosseguindo com os trabalhos de Brody (1945) e Palsson (1955). Por meio de vários estudos, esses autores conseguiram descrever graficamente o crescimento do animal, mediante uma curva chamada de curva de crescimento, que apresenta em todos os animais comportamento sigmoidal. Esse tipo de curva tanto pode ser aplicado ao animal como um todo, como a qualquer tecido ou região corporal. Analisando a curva de crescimento, podem ser estabelecidas quatro fases:

- 1) fase progressiva: nessa fase, a taxa de crescimento é muito elevada e positiva, chegando ao máximo no ponto de inflexão da curva;
- 2) fase regressiva: a partir do ponto de inflexão a

¹ D.S., Pesquisador - EMBRAPA Caprinos - Fazenda Três Lagoas, Caixa Postal D10, Sobral - CE, CEP 62011-970. E.mail: lobo@cnpq.embrapa.br
² D.S., Professor do Departamento de Zootecnia - Universidade Federal do Ceará. E.mail: martins@ufc.br

taxa do crescimento começa a diminuir em virtude de uma série de fatores que inibem progressivamente o crescimento, embora o animal não deixe de crescer. Gráficamente o ponto de inflexão marca essa inversão na taxa do crescimento;

3) fase estacionária, quando o animal deixa de crescer e o crescimento pode ser considerado apenas uma renovação dos tecidos; e

4) morte: o crescimento para totalmente, os tecidos não são renovados e o animal morre (Craplet, 1966).

Assim, o ideal para a padronização dos pesos corporais seria a utilização de equações não-lineares aplicadas à sequência de pontos que relacionam o peso com a idade dos animais. Dentre as equações não-lineares utilizadas para descrever a curva de crescimento em animais estão a de Brody (Brody, 1945) e a de Richards (Richards, 1959). A primeira não apresenta ponto de inflexão, ao contrário da segunda. Estudos indicam ser a equação de Richards a melhor para descrever a curva de crescimento de bovinos e outros animais (Brown et al., 1976; Perotto et al., 1992). Sua principal vantagem está em não fixar o ponto de inflexão da curva.

O objetivo deste trabalho foi comparar alguns métodos de padronização (lineares e não-lineares) dos pesos corporais às idades de 205, 365 e 550 dias, utilizando como amostra dados da raça Nelore.

Material e Métodos

Utilizaram-se neste estudo, 34.558 informações de animais da raça Nelore criados na região Nordeste entre os anos de 1976 e 1999. Estas informações foram provenientes do controle de desenvolvimento ponderal realizado pela Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ). Neste banco de dados, 28.386 animais tinham registros de produção.

Os animais controlados pela ABCZ são pesados trimestralmente. Assim, a partir dessas pesagens, foi estimado para cada animal, de acordo com o método de padronização, seus pesos aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 dias de idade (P550). Do total de informações disponíveis, apenas 18.196 animais tiveram seus pesos estimados para todos os métodos, por causa de falhas entre as pesagens e do atendimento do critério de convergência para os modelos não-lineares. Utilizaram-se nove pares (peso e idade) de observações por animal, sendo que a primeira pesagem ocorreu ao nascimento e a última em média aos

2 anos de idade (alguns animais chegaram a ser pesados aos 974 dias de idade).

Foram avaliados seis métodos de padronização:

1) Método utilizado pela ABCZ (MET1), cuja metodologia é apresentada a seguir (ABCZ, 2002):

Para P205 calcula-se o GMDd - ganho médio diário do animal do nascimento à desmama ($GMDd = [\text{peso à desmama} - \text{peso ao nascer}] / \text{idade do animal em dias na pesagem à desmama}$). Obtido o GMDd, realizam-se quatro ajustes: ajusta-se o GMDd para a época do ano da desmama, a idade do bezerro na pesagem, a idade da mãe e o sexo do animal. Obtido o GMDd ajustado calcula-se o P205 ($P205 = [GMDd \text{ ajustado} \times 205 \text{ dias}] + \text{peso ao nascer}$).

Para P365 e P550 calcula-se o GMDpa - ganho médio diário pós-desmama acumulado, que é a média do GMDd e do GMDp - ganho médio diário pós-desmama ($GMDp = [\text{pesagem atual} - P205] / \text{idade do animal em dias na pesagem pós-desmama} - 205$). Uma vez obtido o GMDpa calcula-se os P365 e P550 por meio das seguintes fórmulas:

$$P365 = P205 + (GMDpa \times 160 \text{ dias})$$

$$P550 = P205 + (GMDpa \times 345 \text{ dias})$$

2) Método utilizando uma equação de regressão linear do peso sobre a idade, obtida para cada animal individualmente (MET2).

3) Método utilizando uma equação de regressão quadrática do peso sobre a idade, obtida para cada animal individualmente (MET3).

4) Método utilizando o modelo não-linear de Brody (MET4):

$$W_t = A (1 - be^{-kt})$$

em que: W_t é o peso e t a idade; A , a assíntota, valor da função quando t tende ao infinito; b , uma constante de integração que se ajusta para situações, em que W_0 e, ou, t_0 são diferentes de zero; e k , a taxa na qual uma função logarítmica do peso, muda linearmente por unidade do tempo. É referida, comumente, como índice de maturidade, pois estima a taxa de maturação da curva, ou seja, a taxa relativa na qual A é alcançado. No aspecto biológico, k é interpretado como medida de crescimento ou velocidade de ganho. Gráficamente pode ser interpretado como declividade da curva.

5) Método (MET5) utilizado pelo Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN) que utiliza as fórmulas descritas por Lôbo (1992):

$$P_p = P_a + GMD \times d_a, \text{ quando } d_a < d_s, \text{ ou}$$

$$P_p = P_s - GMD \times d_s, \text{ quando } d_a > d_s,$$

em que: P_p é o peso calculado às idades padrão

(P205, P365 ou P550); GMD é a razão da diferença entre os pesos posterior e anterior, pelo número de dias contido no período compreendido entre as duas pesagens; Ps é o peso seguinte à idade-padrão; Pa é o peso anterior à idade-padrão; da são os dias compreendidos entre a pesagem anterior e a idade-padrão; e ds são os dias compreendidos entre a pesagem posterior e a idade-padrão.

6) Método utilizando o modelo não-linear de Richards (MET6):

$$W_t = A (1 - be^{-kt})^M$$

em que: W_t , t , A , b e k já foram definidos anteriormente para a curva de Brody (MET4) e M é o parâmetro de generalização do modelo que permite que a localização do ponto de inflexão seja variável. Biologicamente pode ser interpretado como índice de maturação e serve como medida da taxa de mudança na velocidade de ganho de peso.

Os métodos que utilizam um modelo de predição (MET2, MET3, MET4 e MET6) permitem, uma vez estimada a curva para cada animal, prever o peso em qualquer idade dentro do intervalo considerado para o ajuste. Entretanto, para a comparação entre os métodos, somente foram utilizados os pesos padronizados que correspondessem àqueles também calculados pelos MET1 e MET5, de maneira que o número de informações fosse igual para todos.

Os modelos de regressão linear e quadrático foram utilizados apenas para realizar comparações entre os métodos, pois, sabe-se que o crescimento dos bovinos não deve ser representado por uma reta ou uma parábola.

Para criação, avaliação e manutenção do banco de dados, estimação das curvas de crescimento para cada animal e dos pesos às idades padrão, utilizaram-se os procedimentos contidos no programa SAS (SAS, 1996). As equações de Brody e Richards foram ajustadas utilizando-se o procedimento NLIN (SAS, 1996).

Posteriormente, foi verificada a consistência das informações e estabelecimento do modelo matemático. Foram eliminados animais com informações incompletas ou duvidosas, com peso padronizado exageradamente reduzido ou elevado para a idade em questão. Após esta fase, restaram então 10.751 observações. Deve-se ressaltar que a grande redução no número de informações ocorreu de maneira geral para todos os métodos, não havendo favorecimento de um em detrimento dos outros. Os critérios de eliminação dos dados são importantes

fatores que contribuem para a escolha de um melhor método de padronização, entretanto, neste estudo, não houve diferenças significativas entre os métodos em relação à redução no número de informações.

Para escolha da equação (MET2, MET3, MET4 e MET6) que melhor descrevesse os dados foram utilizados os critérios de coeficiente de determinação (R^2), quadrado médio residual (QMR) e o erro de predição médio (EPM) proposto por Goonewardene et al. (1981).

Uma análise de correlação de Pearson foi realizada entre os pesos estimados pelos diferentes métodos, por meio do PROC CORR (SAS, 1996). As médias de peso estimadas para cada método foram comparadas pelo teste t (LSD), utilizando modelo matemático que incluiu os efeitos fixos de propriedade, sexo, mês e ano de nascimento e regime alimentar.

As estimativas dos componentes de variância e herdabilidade foram obtidas pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), por meio de modelos animais uni-característica, utilizando-se o programa MTDFREML (Boldman et al., 1993), aplicando-se um modelo com o efeito fixo de grupo de contemporâneos, a idade da mãe como covariável e os efeitos aleatórios genético aditivo direto, genético aditivo materno e de ambiente permanente, além dos resíduos aleatórios, não observáveis. A variável grupo de contemporâneos foi definida pela concatenação das seguintes variáveis: mês e ano de nascimento, propriedade, sexo e grupo de regime alimentar.

A covariância entre os efeitos genéticos direto e materno foi considerada como sendo igual a zero, segundo recomendação de Schaeffer (1996), citado por Fries & Albuquerque (1998) e Lôbo et al. (2000).

Foi realizada análise de correlação entre os valores genéticos aditivos estimados pelos diferentes métodos de padronização, utilizando-se a correlação de Pearson do PROC CORR (SAS, 1996), pois de acordo com Van Vleck et al. (1987), a correlação entre os valores genéticos é a própria definição de correlação genética.

Para a comparação da classificação dos animais entre os métodos de padronização, com base no valor genético aditivo direto, foi realizada análise de correlação de classificação ou "rank", utilizando-se a correlação de Spearman do PROC CORR (SAS, 1996).

Resultados e Discussão

A Figura 1 ilustra o ajustamento das curvas de crescimento de Brody e Richards para todos os animais em conjunto. Ambas as curvas ajustaram muito bem os dados, entretanto a curva de Richards apresentou ajuste ($R^2=0,9993$, $QMR=8,7848$ e $EPM=-0,43\%$) um pouco melhor do que a curva de Brody ($R^2=0,9989$, $QMR=12,7860$ e $EPM=-0,43\%$). As regressões linear (peso = $53,84 + 0,459$ idade; $R^2 = 0,9792$; $QMR=260,5166$; $EPM=-7,74\%$) e quadrática (peso = $33,49 + 0,674$ idade - $0,0003$ idade²; $R^2 = 0,9981$; $QMR=24,1617$; $EPM=-1,04\%$) também apresentaram bom ajustamento, mas de forma um pouco inferior. Os maiores R^2 foram associados com menores quadrados médios residuais (QMR), o que é esperado, uma vez que este faz parte do denominador da equação do R^2 . Com base no erro de predição médio (EPM) todas as equações superestimaram os pesos observados, pois apresentaram sinal negativo, entretanto, as curvas de Brody e Richards apresentaram melhor qualidade de ajuste com valor inferior a 1%.

Deve-se salientar que todas estas curvas devem ser usadas apenas em idades dentro dos limites utilizados para sua estimativa. As curvas de regressão, em idades elevadas, fora deste limite, apresentam problemas do ponto de vista biológico, uma vez

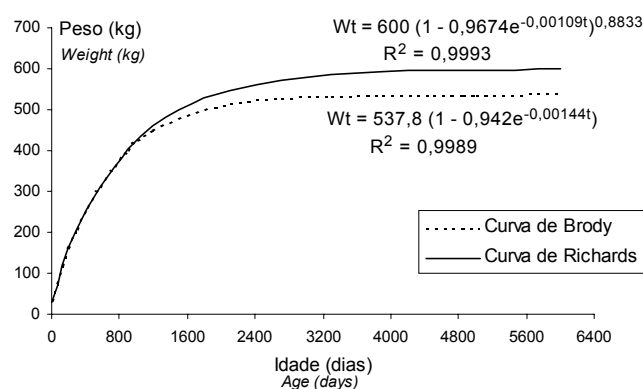


Figura 1 - Curvas de crescimento de Brody e Richards ajustadas aos pesos de bovinos da raça Nelore.

Figure 1 - Brody and Richards growth curves fitted to weights of Nelore cattle.

que a linear estima pesos muito acima dos parâmetros fisiológicos e a quadrática pesos muito abaixo destes e até negativos.

Perotto et al. (1992), comparando as funções de Richards, Gompertz, Monomolecular e Logística na descrição das curvas de crescimento de fêmeas leiteiras, observaram que a função de Richards descreveu melhor as curvas individuais dos animais. Detorre et al. (1992) identificaram ser a função de Von Bertalanffy, em comparação com a de Brody e a de Richards, a melhor para descrever as curvas de crescimento de vacas Retinta no Sudoeste da Espanha. Oliveira et al. (1994) também usaram a equação de Von Bertalanffy para descrever a curva de crescimento de vacas Guzerá. Para aves de postura, Braccini Neto et al. (1996) estudaram as equações de Richards, Brody, Von Bertalanffy, Gompertz e Logística, verificando serem melhores as curvas de Brody e Von Bertalanffy.

Considerando-se a não linearidade do crescimento e a melhor representação deste realizada pela curva de Richards (MET6), as discussões neste estudo serão tomadas assumindo-se este método, entre os estudados, como o mais adequado.

Na Tabela 1 estão apresentados o número de observações, as médias, os desvios padrão e os coeficientes de variação para os pesos aos 205 (P205), aos 365 (P365) e aos 550 dias de idade (P550) de acordo com os métodos de padronização estudados. O coeficiente de variação das médias não diferiu muito entre os métodos para todos os pesos estudados.

Houve diferenças estatísticas ($P<0,05$) entre todos os métodos para P205, exceção entre os MET2 e MET6. Estas diferenças alcançaram cerca de 7% entre a maior (MET5) e a menor (MET3) média. As maiores médias foram verificadas para os métodos em execução no Brasil, indicando provável superestimativa dessas. Nesta fase, a regressão linear (MET2) aproximou-se à curva de Richards (MET6).

Para P365 também verificou-se diferença estatística ($P<0,05$), exceção entre os MET1 e MET5 e entre os MET2 e MET6. As diferenças nas médias chegaram a 4% (entre as maiores, MET2 e MET6, e a menor, MET3). Para este peso, houve tendência de subestimativa das médias por todos os métodos (exceto MET2) em relação à curva de Richards.

As diferenças para P550 foram pequenas, menos de 4% entre a maior (MET3) e a menor (MET4) média. Houve maior semelhança entre os métodos,

Tabela 1 - Número de observações (N), média (kg), desvio padrão (DP, kg) e coeficiente de variação (CV, %) para os pesos aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 dias de idade (P550), de acordo com o método de padronização¹
 Table 1 - Number of observations (N), mean (kg), standard deviation (DP, kg) and coefficient of variation (CV, %) for liveweight at 205 (P205), 365 (P365) and 550 (P550) days of age, according to the standardization method¹

Método Method	P205			P365			P550		
	N	Média ± DP ² Mean ± DP	CV	N	Média ± DP ² Mean ± DP	CV	N	Média ± DP ² Mean ± DP	CV
MET1	10751	163,92 ± 37,58 ^b	22,92	7396	236,60 ± 62,47 ^b	26,40	4941	303,48 ± 84,73 ^{bc}	27,92
MET2	10751	162,07 ± 37,52 ^c	23,15	7396	239,34 ± 60,05 ^a	25,09	4941	305,13 ± 83,94 ^b	27,51
MET3	10751	151,93 ± 34,55 ^e	22,74	7396	228,89 ± 58,37 ^d	25,50	4941	311,03 ± 83,68 ^a	26,90
MET4	10751	160,46 ± 38,73 ^d	24,14	7396	234,48 ± 59,55 ^c	25,40	4941	298,73 ± 82,18 ^d	27,51
MET5	10751	164,69 ± 39,03 ^a	23,70	7396	237,17 ± 64,18 ^b	27,06	4941	303,08 ± 85,53 ^{bc}	28,22
MET6	10751	162,33 ± 39,12 ^c	24,10	7396	239,08 ± 59,42 ^a	24,85	4941	301,93 ± 74,90 ^c	24,81

¹ MET1 - Método ABCZ, MET2 - Método de regressão linear, MET3 - Método de regressão quadrática, MET4 - Método não linear - Curva de Brody, MET5 - Método PMGRN, MET6 - Método não linear - Curva de Richards.

² Letras diferentes na mesma coluna indicam diferença estatística pelo teste t (P<0,05).

¹ MET1 - ABCZ method, MET2 - Linear regression method, MET3 - Quadratic regression method, MET4 - Non-linear method - Brody Curve, MET5 - PMGRN method, MET6 - Non-linear method - Richard Curve.

² Different letters in the same column point to statistical difference by t test (P<0.05).

com igualdade entre os MET1, MET2 e MET5, e entre o MET1 e MET5 com o MET6. Verifica-se que apenas os métodos em execução no Brasil (MET1 e MET5) conseguem aproximar-se da estimativa considerada mais adequada. O MET2, que se igualava ao MET6 nos pesos anteriores, tendeu a superestimar a média aos 550 dias. O MET3 que subestimava às idades anteriores, superestimou aos 550 dias de idade.

As diferenças entre as médias estimadas pelos diferentes métodos podem ser explicadas pela forma e inclinação da curva que cada um assume e, pelo número de pontos considerados para realizar a estimativa.

Na fase inicial (P205), os métodos em execução no Brasil (MET1 e MET5), consideram apenas dois pontos (os mais próximos de 205 dias), assumindo constante o ganho de peso entre estes pontos. Dentre as fases estudadas, este período é o mais longo (205 dias) em relação às demais etapas (160 dias entre P205 e P365; 185 dias entre P365 e P550). Esta maior distância pode não estimar corretamente o peso aos 205 dias de idade, principalmente quando se utiliza o peso ao nascimento como no caso do MET1. Este método pode corrigir, pelo menos parcialmente, esta distância, por ajustar o GMDd para a idade à pesagem. No caso do MET5 o período entre as pesagens é mais curto o que reduz os problemas em considerar constante o ganho em peso entre as pesagens. Os métodos de regressão (linear e quadrática) e as curvas de Brody e Richards estimam este peso com base em todos os pontos disponíveis, inclusive aqueles entre o nascimento e a desmama, não considera-

dos pelos MET1 e MET5. Esta consideração permite melhor estimativa do P205, pois os pontos intermediários auxiliam na determinação da inclinação da curva. Isto alerta para uma situação prática: Para que os criadores devem pesar seus animais periodicamente entre o nascimento e a desmama, se estes pesos não serão utilizados? Assim, bastaria pesar ao desmame, o que não é interessante, pois deve-se utilizar toda a informação disponível.

As diferenças aos 365 e 550 dias também devem ocorrer em virtude da representação das curvas. Os métodos em execução, da mesma maneira, consideram apenas dois pontos. Apesar do curto período entre 205 e 365 dias, estes métodos podem não ser sensíveis o bastante para distinguir as diferentes taxas de crescimento entre os animais. Assim, as estimativas para os MET6 e MET2 foram maiores para P365. Após os 550 dias ocorre redução na taxa de crescimento dos animais em relação ao período anterior (Figura 1). A semelhança entre os métodos é maior e aqueles em execução (MET1 e MET5) se igualam à curva de Richards. O método de regressão linear (MET2) se afasta do MET6, superestimando os pesos. Isto é de se esperar, uma vez que este método representa uma reta ascendente. A média do valor de A (valor assintótico) das curvas de Richards de todos os animais foi de aproximadamente 440 kg, entretanto, na curva de ajuste com todos os animais este parâmetro foi de 600 kg (Figura 1), indicando que na idade de 550 dias o peso estimado correspondeu a cerca de 50% do valor assintótico.

Na Tabela 2 estão apresentados os coeficientes

Tabela 2 - Coeficientes de correlação de Pearson entre os pesos obtidos pelos vários métodos de padronização¹ para 205 (P205), 365 (P365) e 550 dias de idade (P550)Table 2 - Pearson correlation coefficients among the weights obtained by the different standardization methods¹ for 205 (P205), 365 (P365) and 550 days of age (P550)

		MET2	MET3	MET4	MET5	MET6
P205	MET1 ¹	0,96*	0,92*	0,94*	0,98*	0,95*
	MET2		0,95*	0,97*	0,93*	0,98*
	MET3			0,90*	0,89*	0,97*
	MET4				0,91*	0,95*
	MET5					0,92*
P365	MET1	0,98*	0,96*	0,95*	0,99*	0,97*
	MET2		0,98*	0,97*	0,96*	0,99*
	MET3			0,94*	0,94*	0,98*
	MET4				0,94*	0,96*
	MET5					0,95*
P550	MET1	0,99*	0,98*	0,95*	0,99*	0,97*
	MET2		0,99*	0,97*	0,97*	0,98*
	MET3			0,97*	0,96*	0,98*
	MET4				0,94*	0,96*
	MET5					0,96*

¹ MET1 – Método ABCZ, MET2 – Método de regressão linear, MET3 – Método de regressão quadrática, MET4 – Método não linear – Curva de Brody, MET5 – Método PMGRN, MET6 – Método não linear – Curva de Richards (* P<0,001).

¹ MET1 – ABCZ method, MET2 – Linear regression method, MET3 – Quadratic regression method, MET4 – Non-linear method – Brody Curve, MET5 – PMGRN method, MET6 – Non-linear method – Richard Curve (*P<.001).

de correlação de Pearson entre os pesos obtidos pelos vários métodos de padronização dos P205, P365 e P550. As correlações entre os métodos são todas altas, entre 0,89 e 0,99, para todos os pesos. Para P205 e P365, as maiores correlações ocorreram entre os MET1 e MET5 e entre os MET2 e MET6, reforçando o observado em relação às médias.

Os métodos em uso no Brasil (MET1 e MET5) foram muito semelhantes. Por outro lado, as maiores correlações entre a regressão linear (MET2) e a curva de Richards (MET6) indicam que a primeira pode ser usada como uma aproximação alternativa nesta etapa inicial do crescimento dos animais. De maneira geral, o MET5 foi o que se apresentou mais distante do MET6.

É interessante observar que o método não linear da curva de Brody (MET4) se aproximou bem à curva de Richards (MET6). A curva que representa o MET4 (Brody) não apresenta ponto de inflexão, não considerando a mudança na velocidade de crescimento na fase inicial. Por outro lado, aproximadamente metade das curvas de Richards dos animais deste estudo, apresentou o ponto de inflexão na idade zero. Isto significa, na prática, que estas curvas não apresentaram ponto de inflexão, o que torna as curvas dos dois métodos muito semelhantes. Este é um dos motivos que faz com que a curva de Brody possa ser utilizada na representação do crescimento dos bovinos.

Nas Tabelas 3, 4 e 5 estão apresentadas as variâncias e parâmetros genéticos de acordo com os métodos de padronização para os pesos aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 dias de idade (P550). Para os três pesos considerados, percebem-se variações nos parâmetros genéticos estimados de acordo com o método de padronização avaliado, o que é preocupante, pois indica insegurança em relação aos métodos em execução. Se para uma mesma estrutura de dados, mesmos animais, há estimação de parâmetros diferentes com diferentes métodos de ajustes, algo precisa ser revisto.

A minimização do logaritmo da função de verossimilhança restrita (-2LogL) foi maior para o MET6 em todos os pesos estudados (Tabelas 3, 4 e 5).

Para P205 as diferenças não foram tão grandes. As estimativas de herdabilidade direta variaram de 0,11 a 0,13 (Tabela 3). Esta variação foi de 0,16 a 0,21 para P365 e de 0,22 a 0,29 para P550, variações consideráveis. O mais notável é que a diferença entre as herdabilidades para os MET1 e MET5, métodos muito semelhantes e em execução, são muito distintas, tanto para P365 (0,19 vs. 0,16; Tabela 4) quanto para P550 (0,26 vs. 0,22; Tabela 5).

Entre os métodos em execução, o método da ABCZ (MET1) apresentou maior semelhança com o MET6, apesar de ter apresentado menores estimativas de herdabilidade direta (0,11 vs. 0,12 para P205; 0,19 vs. 0,21 para P365 e 0,26 vs. 0,29 para P550). O método

Tabela 3 - Valor do logaritmo da função de verossimilhança (-2 Log L), variâncias e parâmetros genéticos¹, de acordo com os métodos de padronização para o peso aos 205 dias de idadeTable 3 - Logarithm of Likelihood function, (co) variances and genetic parameters¹, according to the standardization methods for liveweight at 205 days of age

Métodos ² Methods ²	-2Log L	σ_A^2	σ_M^2	σ_{EP}^2	σ_E^2	σ_P^2	h^2_A	h^2_M
MET1	43744,89	49,44	22,44	37,39	342,06	451,33	0,11±0,03	0,05±0,03
MET2	43839,94	53,01	24,07	30,13	336,23	443,44	0,12±0,03	0,05±0,04
MET3	42000,53	43,98	16,31	17,30	256,65	334,24	0,13±0,03	0,05±0,03
MET4	44797,58	57,52	29,10	38,90	414,16	539,68	0,11±0,03	0,05±0,04
MET5	44548,32	55,21	32,33	24,91	403,36	515,81	0,11±0,03	0,06±0,04
MET6	43739,81	55,64	19,58	33,29	346,11	454,62	0,12±0,03	0,04±0,03

¹ σ_A^2 = variância genética direta, σ_M^2 = variância genética materna, σ_{EP}^2 = variância de ambiente permanente, σ_E^2 = variância residual, σ_P^2 = variância fenotípica, h^2_A = herdabilidade direta, h^2_M = herdabilidade materna.

² MET1 - Método ABCZ, MET2 - Método de regressão linear, MET3 - Método de regressão quadrática, MET4 - Método não linear - Curva de Brody, MET5 - Método PMGRN, MET6 - Método não linear - Curva de Richards.

¹ σ_A^2 = direct genetic variance, σ_M^2 = maternal genetic variance, σ_{EP}^2 = permanent environmental variance, σ_E^2 = residual variance, σ_P^2 = phenotypic variance, h^2_A = direct heritability, h^2_M = maternal heritability.

² MET1 - ABCZ method, MET2 - Linear regression method, MET3 - Quadratic regression method, MET4 - Non linear method - Brody curve, MET5 - PMGRN method, MET6 - Non linear method - Richard curve.

Tabela 4 - Valor do logaritmo da função de verossimilhança (-2 Log L), variâncias e parâmetros genéticos¹, de acordo com os métodos de padronização para o peso aos 365 dias de idadeTable 4 - Logarithm of Likelihood function, (co) variances and genetic parameters¹, according to the standardization methods for liveweight at 365 days of age

Métodos ² Methods ²	-2Log L	σ_A^2	σ_M^2	σ_{EP}^2	σ_E^2	σ_P^2	h^2_A	h^2_M
MET1	30205,49	151,58	31,59	0,001	616,24	799,41	0,19±0,05	0,04±0,04
MET2	29913,67	150,85	38,19	0,007	553,83	742,88	0,20±0,05	0,05±0,04
MET3	29872,41	133,91	22,15	0,000	485,74	641,81	0,21±0,05	0,03±0,04
MET4	30343,04	170,53	11,93	33,66	616,88	833,01	0,20±0,05	0,01±0,04
MET5	30619,50	144,50	31,59	0,001	711,70	887,79	0,16±0,04	0,04±0,04
MET6	29812,56	150,46	38,89	0,003	534,57	723,92	0,21±0,05	0,05±0,05

¹ σ_A^2 = variância genética direta, σ_M^2 = variância genética materna, σ_{EP}^2 = variância de ambiente permanente, σ_E^2 = variância residual, σ_P^2 = variância fenotípica, h^2_A = herdabilidade direta, h^2_M = herdabilidade materna.

² MET1 - Método ABCZ, MET2 - Método de regressão linear, MET3 - Método de regressão quadrática, MET4 - Método não linear - Curva de Brody, MET5 - Método PMGRN, MET6 - Método não linear - Curva de Richards.

¹ σ_A^2 = direct genetic variance, σ_M^2 = maternal genetic variance, σ_{EP}^2 = permanent environmental variance, σ_E^2 = residual variance, σ_P^2 = phenotypic variance, h^2_A = direct heritability, h^2_M = maternal heritability.

² MET1 - ABCZ method, MET2 - Linear regression method, MET3 - Quadratic regression method, MET4 - Non-linear method - Brody curve, MET5 - PMGRN method, MET6 - Non linear method - Richard curve.

utilizado pelo PMGRN (MET5) se distanciou mais, à medida que aumentou a idade. O método de regressão linear foi o que apresentou maior similaridade ao MET6.

Comparando-se as variâncias genéticas diretas e as variâncias fenotípicas obtidas pelos métodos MET1 e MET5 com as obtidas pelo método MET6, percebe-se que a utilização da curva de Richards consegue captar melhor as diferenças genéticas entre os animais, uma vez que apresentou maiores estimativas de herdabilidade direta.

As estimativas de herdabilidade materna não diferiram muito, entretanto estes valores foram tão reduzidos em todos os pesos que não se esperaria muito esta variação. Por outro lado, as estimativas de variância materna para o MET6 no P205 é reduzida (Tabela 3) em relação aos demais métodos (exceto MET3) e muito superior aos MET1, MET4 e MET5 no P550 (Tabela 5).

Estes resultados indicam alguma distância entre os métodos em execução e o método teoricamente

Tabela 5 - Valor do logaritmo da função de verossimilhança (-2 Log L), variâncias e parâmetros genéticos¹, de acordo com os métodos de padronização para o peso aos 550 dias de idadeTable 5 - Logarithm of likelihood function, (co) variances and genetic parameters¹, according to the standardization methods for liveweight at 550 days of age

Métodos ² Methods ²	-2Log L	σ_A^2	σ_M^2	σ_{EP}^2	σ_E^2	σ_P^2	h_A^2	h_M^2
MET1	20113,98	256,09	0,007	0,001	738,22	994,31	0,26±0,07	0,00±0,05
MET2	20110,46	290,24	12,64	0,000	697,87	1000,75	0,29±0,07	0,01±0,06
MET3	20242,63	280,59	18,83	0,002	752,93	1052,36	0,27±0,07	0,02±0,06
MET4	20522,46	330,93	0,000	0,000	851,35	1182,29	0,28±0,07	0,00±0,06
MET5	20244,35	233,90	4,658	0,002	804,36	1042,92	0,22±0,06	0,00±0,05
MET6	19863,98	265,80	16,78	0,016	622,60	905,20	0,29±0,07	0,02±0,06

¹ σ_A^2 = variância genética direta, σ_M^2 = variância genética materna, σ_{EP}^2 = variância de ambiente permanente, σ_E^2 = variância residual, σ_P^2 = variância fenotípica, h_A^2 = herdabilidade direta, h_M^2 = herdabilidade materna.

² MET1 - Método ABCZ, MET2 - Método de regressão linear, MET3 - Método de regressão quadrática, MET4 - Método não linear - Curva de Brody, MET5 - Método PMGRN, MET6 - Método não linear - Curva de Richards.

¹ σ_A^2 = direct genetic variance, σ_M^2 = maternal genetic variance, σ_{EP}^2 = permanent environmental variance, σ_E^2 = residual variance, σ_P^2 = phenotypic variance, h_A^2 = direct heritability, h_M^2 = maternal heritability.

² MET1 - ABCZ method, MET2 - Linear regression method, MET3 - Quadratic regression method, MET4 - Non linear method - Brody curve, MET5 - PMGRN method, MET6 - Non linear method - Richard curve.

ideal (MET6). Isto demonstra que, além das diferenças nas estruturas dos dados e no número de observações que causam grandes variações entre os parâmetros estimados nos diferentes estudos verificados na literatura, o método de padronização do peso também influencia os resultados.

Na Tabela 6 estão apresentadas as correlações entre os valores genéticos obtidos pelos diferentes métodos e entre os pesos estudados. As correlações são todas altas e significativas ($P < 0,01$). Em geral, os resultados são semelhantes aos verificados para as correlações simples (Tabela 2), ocorrendo as maiores correlações entre os MET1 e MET5 e entre os MET2 e MET6. Independente do método, as correlações genéticas entre os pesos nas várias idades situam-se em torno da média de 0,74, 0,63 e 0,75 entre os P205 e P365, P205 e P550, P365 e P550, respectivamente.

Na Tabela 7 estão apresentados os coeficientes de correlação de Spearman, de classificação ou "rank", da classificação dos animais pelos valores genéticos obtidos pelos diferentes métodos de padronização para P205, P365 e P550. Os valores da tabela são menores do que as correlações genéticas, ou seja, apesar da semelhança entre os valores genéticos estimados para os animais de acordo com o método de padronização, a ordem de classificação destes não é feita com a mesma semelhança. Os valores estão entre 0,86 e 0,98. Novamente, percebe-se maior semelhança entre os MET1 e MET5 e entre

os MET2 e MET6. Maior distância também foi verificada entre o MET5 e o MET6, com coeficientes mais baixos (0,89 a 0,92; Tabela 7). Esta maior distância foi verificada principalmente no P205, fase de grandes alterações na velocidade de crescimento dos animais.

Esta ordem de classificação dos animais também é muito importante. Apesar das correlações de classificação serem altas, indicam ainda diferenças entre os métodos que devem ser consideradas.

Nas Tabelas 8, 9 e 10 estão apresentadas as classificações dos dez primeiros touros, ordenados por seus valores genéticos para P205, P365 e P550, respectivamente, de acordo com o método de padronização. Para todos os pesos, a ordem de classificação diferiu entre os métodos, não havendo nenhuma igualdade absoluta entre os mesmos. Há diferenças entre os touros classificados e inversões de classificação.

Para P205 os dois primeiros touros são os mesmos em todos os métodos, exceção ao MET5, em que o segundo melhor touro não foi nem classificado pelo MET6. Este animal também foi bem classificado (terceiro) pelo outro método em execução (MET1). O terceiro touro no MET6 é o quarto para o MET2, recebe a mesma classificação no MET3, não sendo classificado entre os dez para os demais métodos.

Para P550 os três primeiros animais são os mesmos para todos os métodos, apenas com inversões na

Tabela 6 - Correlação entre os valores genéticos obtidos pelos diferentes métodos de padronização¹ para os pesos aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 dias de idade (P550)Table 6 - Correlation between breeding values obtained by different standardization methods¹ for liveweight at 205 (P205), 365 (P365) and 550 days of age (P550)

		P205					
		MET1	MET2	MET3	MET4	MET5	MET6
P205	MET1 ¹		0,96*	0,93*	0,93*	0,97*	0,96*
	MET2			0,96*	0,96*	0,91*	0,98*
	MET3				0,92*	0,88*	0,98*
	MET4					0,89*	0,95*
	MET5						0,91*
P365	MET1	0,73*	0,76*	0,75*	0,73*	0,68*	0,77*
	MET2	0,76*	0,77*	0,76*	0,73*	0,70*	0,78*
	MET3	0,74*	0,75*	0,77*	0,70*	0,69*	0,77*
	MET4	0,75*	0,76*	0,75*	0,75*	0,69*	0,77*
	MET5	0,72*	0,75*	0,74*	0,71*	0,66*	0,75*
	MET6	0,75*	0,77*	0,77*	0,72*	0,70*	0,78*
P550	MET1	0,62*	0,65*	0,66*	0,62*	0,56*	0,66*
	MET2	0,63*	0,65*	0,66*	0,62*	0,58*	0,67*
	MET3	0,64*	0,67*	0,67*	0,64*	0,58*	0,68*
	MET4	0,63*	0,65*	0,65*	0,65*	0,57*	0,66*
	MET5	0,62*	0,65*	0,66*	0,62*	0,56*	0,66*
	MET6	0,64*	0,66*	0,67*	0,63*	0,58*	0,67*
		P365					
		MET1	MET2	MET3	MET4	MET5	MET6
P365	MET1		0,98*	0,95*	0,94*	0,98*	0,97*
	MET2			0,97*	0,97*	0,95*	0,99*
	MET3				0,93*	0,93*	0,98*
	MET4					0,92*	0,96*
	MET5						0,94*
P550	MET1	0,75*	0,76*	0,75*	0,74*	0,75*	0,76*
	MET2	0,75*	0,75*	0,74*	0,74*	0,75*	0,75*
	MET3	0,76*	0,76*	0,75*	0,75*	0,76*	0,76*
	MET4	0,74*	0,73*	0,71*	0,76*	0,73*	0,73*
	MET5	0,75*	0,75*	0,75*	0,74*	0,75*	0,75*
	MET6	0,76*	0,75*	0,74*	0,74*	0,75*	0,75*
		P550					
		MET2	MET3	MET4	MET5	MET6	
P550	MET1	0,98*	0,97*	0,93*	0,98*	0,97*	
	MET2		0,99*	0,95*	0,96*	0,99*	
	MET3			0,96*	0,95*	0,98*	
	MET4				0,91*	0,95*	
	MET5					0,95*	

¹ MET1 – Método ABCZ, MET2 – Método de regressão linear, MET3 – Método de regressão quadrática, MET4 – Método não linear – Curva de Brody, MET5 – Método PMGRN, MET6 – Método não linear – Curva de Richards.

¹ MET1 – ABCZ method, MET2 – Linear regression method, MET3 – Quadratic regression method, MET4 – Non linear method – Brody curve, MET5 – PMGRN method, MET6 – Non linear method – Richard curve.

* P<0,001 (P<.001).

Tabela 7 - Coeficientes de correlação de Spearman da classificação dos animais pelos valores genéticos obtidos pelos diferentes métodos de padronização¹ dos pesos aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 dias de idade (P550)
 Table 7 - Spearman rank correlation coefficients of the animals by their breeding values obtained by the different standardization methods¹ for liveweight at 205 (P205), 365 (P365) and 550 days of age (P550)

		MET2	MET3	MET4	MET5	MET6
P205	MET1 ¹	0,94*	0,91*	0,91*	0,96*	0,94*
	MET2		0,94*	0,95*	0,89*	0,97*
	MET3			0,89*	0,86*	0,96*
	MET4				0,86*	0,93*
	MET5					0,89*
P365	MET1	0,96*	0,92*	0,92*	0,96*	0,95*
	MET2		0,95*	0,95*	0,92*	0,98*
	MET3			0,90*	0,89*	0,97*
	MET4				0,88*	0,94*
	MET5					0,92*
P550	MET1	0,96*	0,95*	0,90*	0,96*	0,95*
	MET2		0,98*	0,92*	0,92*	0,98*
	MET3			0,93*	0,91*	0,98*
	MET4				0,87*	0,93*
	MET5					0,92*

¹ MET1 – Método ABCZ, MET2 – Método de regressão linear, MET3 – Método de regressão quadrática, MET4 – Método não linear – Curva de Brody, MET5 – Método PMGRN, MET6 – Método não linear – Curva de Richards.

¹ MET1 – ABCZ method, MET2 – Linear regression method, MET3 – Quadratic regression method, MET4 – Non linear method – Brody curve, MET5 – PMGRN method, MET6 – Non linear method – Richard curve.

* P<0,001 (*P<.001).

Tabela 8 - Classificação dos dez primeiros touros com base nos valores genéticos (VG) diretos para peso aos 205 dias de idade (P205), de acordo com o método de padronização¹

Table 8 - Classification of the first ten sires by their breeding values (BV) for weight at 205 days of age (P205), according to the standardization method¹

MET1		MET2		MET3		MET4		MET5		MET6	
Touro Sire	VG BV	Touro Sire	VG BV	Touro Sire	VG BV	Touro Sire	VG BV	Touro Sire	VG BV	Touro Sire	VG BV
5230	14,618	5230	15,439	5230	15,138	5230	13,589	5230	13,665	5230	17,970
391	10,334	391	11,325	391	12,861	391	12,788	22020	11,617	391	13,865
22020	9,925	18900	9,415	6225	11,248	14194	10,376	18900	10,114	6225	11,610
18900	9,249	6225	9,414	5626	9,433	5626	9,474	5626	9,789	26193	10,256
14539	8,763	5825	9,284	18900	9,386	8559	8,861	14539	9,505	18900	9,821
758	8,455	8559	9,192	5825	9,089	18900	8,353	16385	9,392	21123	9,662
21123	8,307	5626	9,063	8559	8,683	18566	8,091	16671	9,253	23397	9,394
26193	8,155	26193	8,885	26193	8,598	21123	7,942	758	8,759	14194	9,336
14194	8,112	21123	8,576	28364	8,513	22020	7,764	391	8,293	5825	9,169
20675	7,789	18566	8,440	22153	8,402	26193	7,617	21123	7,837	28364	9,035

¹ MET1 – Método ABCZ, MET2 – Método de regressão linear, MET3 – Método de regressão quadrática, MET4 – Método não linear – Curva de Brody, MET5 – Método PMGRN, MET6 – Método não linear – Curva de Richards.

¹ MET1 – ABCZ method, MET2 – Linear regression method, MET3 – Quadratic regression method, MET4 – Non linear method – Brody curve, MET5 – PMGRN method, MET6 – Non linear method – Richard curve.

posição. O touro 28673 que foi primeiro para o MET6, também foi o primeiro para os MET2, MET3 e MET4, sendo o terceiro para os MET1 e MET5. Isto é relevante pois os métodos em execução não conseguiram selecionar o melhor touro para a característica, quando comparados com os modelos de predição.

As correlações de Spearman considerando apenas os 726 touros são menores do que as correlações

com todos os animais. Para P205 estas correlações caem entre 1 e 7 pontos percentuais. Para P365 e P550 esta queda foi de ordem semelhante. Considerando-se apenas os touros presentes nas listas dos dez primeiros dos diferentes métodos, as correlações caem mais ainda, entretanto permanecem altas e significativas para P550, confirmando a maior semelhança entre os métodos para este peso. Por outro

Tabela 9 - Classificação dos dez primeiros touros com base nos valores genéticos (VG) diretos para peso aos 365 dias de idade (P365), de acordo com o método de padronização¹Table 9 - Classification of the first ten sires by their breeding values (BV) for weight at 365 days of age (P365), according to the standardization method¹

MET1		MET2		MET3		MET4		MET5		MET6	
Touro Sire	VG BV	Touro Sire	VG BV	Touro Sire	VG BV	Touro Sire	VG BV	Touro Sire	VG BV	Touro Sire	VG BV
5230	23,818	5230	24,666	5230	25,250	5230	25,793	5230	23,400	5230	26,493
7616	21,449	7616	21,714	7616	20,325	391	23,129	7616	21,773	15856	21,844
391	21,138	391	18,684	15856	19,096	7616	21,167	391	18,504	7616	20,151
26193	17,586	15856	17,500	391	17,272	14539	18,117	26193	16,081	391	17,587
18900	16,912	18900	17,278	28238	16,829	28673	18,018	18900	15,719	18900	17,108
22020	16,492	4529	16,804	5825	16,765	26193	17,721	22020	15,377	28673	17,015
16385	15,732	28673	16,315	4529	16,538	4529	17,491	18566	13,841	4529	16,569
28673	15,655	14539	16,076	18900	16,122	18900	16,902	2546	13,456	26193	16,407
18566	15,234	22020	15,912	23397	15,728	15856	16,878	16385	13,278	23397	16,141
14539	14,264	5224	15,678	22020	15,031	6225	16,836	23397	13,264	5224	16,092

¹ MET1 – Método ABCZ, MET2 – Método de regressão linear, MET3 – Método de regressão quadrática, MET4 – Método não linear – Curva de Brody, MET5 – Método PMGRN, MET6 – Método não linear – Curva de Richards.

¹ MET1 – ABCZ method, MET2 – Linear regression method, MET3 – Quadratic regression method, MET4 – Non-linear method – Brody curve, MET5 – PMGRN method, MET6 – Non linear method – Richard curve.

Tabela 10 - Classificação dos dez primeiros touros com base nos valores genéticos (VG) diretos para peso aos 550 dias de idade (P550), de acordo com o método de padronização¹Table 10 - Classification of the first ten sires by their breeding values (BV) for weight at 550 days of age (P550), according to the standardization method¹

MET1		MET2		MET3		MET4		MET5		MET6	
Touro Sire	VG BV	Touro Sire	VG BV	Touro Sire	VG BV	Touro Sire	VG BV	Touro Sire	VG BV	Touro Sire	VG BV
7616	36,437	28673	43,210	28673	39,694	28673	41,749	7616	34,255	28673	38,424
5230	33,703	5230	38,194	5230	39,686	5230	37,484	5230	29,518	5230	33,796
28673	32,015	7616	35,562	7616	38,702	7616	35,958	28673	23,313	7616	30,641
4920	23,558	25068	27,601	25068	28,878	25068	33,850	22020	21,857	25068	28,021
22020	22,730	4920	25,586	22020	26,141	1185	25,235	5825	19,985	4920	26,009
25068	21,303	22020	25,461	4920	23,242	14194	25,172	4920	19,551	22020	22,900
5825	20,588	1185	22,316	1185	22,487	391	25,020	25068	17,976	1185	21,461
1185	18,298	26193	19,233	21574	19,843	22020	22,650	391	16,846	391	18,429
8559	17,392	21574	19,097	23514	19,843	4920	21,959	4529	15,618	27665	18,004
21378	17,362	23514	19,097	26193	18,992	16385	21,441	22715	15,014	5825	17,517

¹ MET1 – Método ABCZ, MET2 – Método de regressão linear, MET3 – Método de regressão quadrática, MET4 – Método não linear – Curva de Brody, MET5 – Método PMGRN, MET6 – Método não linear – Curva de Richards.

¹ MET1 – ABCZ method, MET2 – Linear regression method, MET3 – Quadratic regression method, MET4 – Non linear method – Brody curve, MET5 – PMGRN method, MET6 – Non linear method – Richard curve.

lado, para P205 e P365, as correlações entre o MET6 e os MET1 e MET5 (em execução) não foram significativas ($P > 0,05$). Isto se torna importante, pois considerando-se todos os animais, a correlação entre a ordem de classificação deveria ser próxima a um, caso os métodos fossem equivalentes, ainda mais em relação aos touros que devem sofrer maior pressão de seleção, sendo os maiores responsáveis pelo melhoramento genético dos animais.

Estas diferenças entre os métodos em relação aos parâmetros genéticos estimados e a ordem de classificação podem causar diferenças na resposta esperada à seleção. Os métodos em execução no Brasil (MET1 e MET5) apresentam diferenças entre si e principalmente em relação ao MET6, que, teoricamente, seria o método ideal, por descrever a curva de crescimento de bovinos. Estes métodos que utilizam fórmulas são práticos e de fácil execução,

entretanto consideram poucos pontos de pesagem. Os criadores pesam seus animais periodicamente, muitas vezes aumentando custos e estresse aos animais, já sacrificados com disponibilidade alimentar, principalmente no Nordeste, e estas pesagens são pouco aproveitadas. Assim, de acordo com os resultados deste estudo esta aproximação não é suficiente, o que poderia comprometer os achados das pesquisas científicas e, principalmente, as respostas à seleção.

As diferenças verificadas entre os métodos provavelmente não influenciariam um processo de seleção massal, uma vez que são pequenas as diferenças entre os parâmetros genéticos e são altas as correlações estudadas, entretanto, na avaliação genética para identificação de animais superiores estas diferenças são consideráveis, uma vez que causam alterações na ordem de classificação dos touros. Por outro lado, estas diferenças provavelmente não causariam alteração na tendência genética, mas, se teoricamente for possível conseguir ganho genético superior por que deve satisfazer-se com ganho inferior.

Conclusões

Entre os métodos de padronização dos pesos corporais às idades padrão estudados, as curvas de Richards e de Brody foram as que melhor representaram o crescimento dos animais, com alguma superioridade da primeira em relação à segunda.

As respostas obtidas para os métodos em execução no Brasil apresentaram grandes semelhanças com os métodos não lineares (Brody e Richards), entretanto as pequenas diferenças verificadas entre eles podem não ser satisfatórias, dependendo do ponto de vista abordado, como a identificação de animais elite. Por outro lado, as pesagens intermediárias que são desprezadas nestes métodos podem fornecer informações importantes.

Dependendo do método utilizado haverá pequenas diferenças nos valores das médias dos pesos corporais, variâncias e parâmetros genéticos, mas que podem mascarar o conhecimento da natureza real destas respostas.

Provavelmente, as diferenças expressas na ordem de classificação dos animais tenham influência sobre o processo de seleção e a resposta esperada.

Literatura Citada

- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU - ABCZ. Disponível em: <<http://www.abcz.org.br/tecnica/mge/novocdp.htm>>. Acesso em: 03 jan. 2002.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; Van VLECK, L.D. et al. **A manual for use MTDFREML**. USDA-ARS. Clay Center, NE. 1993. 120p.
- BRACCINI NETO, J.; DIONELLO, N.J.L.; SILVEIRA Jr., P et al. Análise de curvas de crescimento de aves de postura. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.25, n.6, p.1062-1073, 1996.
- BRODY, S. **Bioenergetics and growth**. New York: Reinhold Publ. Co. 1945. 1023p.
- BROWN, J.E.; FITZHUGH, H.A., Jr.; CARTWRIGHT, T.C. A comparison of nonlinear models for describing weight-age relationships in cattle. **Journal of Animal Science**, v.42, n.3, p.810-818, 1976.
- CRAPLET, C. **Traité D'Élevage Moderne Tome III, La Viande de Bovins. Livre I**. Paris: Vigot Frères Editeurs. 1966. 545p.
- DETORRE, G.L.; CANDOTTI, J.J.; REVERTER, A. et al. Effects of growth curve parameters on cow efficiency. **Journal of Animal Science**, v.70, n.9, p.2668-2672, 1992.
- FRIES, L.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Pressuposições e restrições dos modelos animais com efeitos maternos em gado de corte. In: COSTA, M.J.; CROMBERG, V.U. (Eds.) **Comportamento materno em mamíferos. Bases teóricas e aplicações aos ruminantes domésticos**. SP: SBET-ETCO. 1998. p.179-36.
- GOONEWARDENE, L.A.; BERG, R.T.; HARDIN, R.T. A growth study of beef cattle. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 61, p.1041-1048, 1981.
- HAMMOND, J. **Farm Animals**. 2.ed. London: Edward Arnold, 1932. 322p.
- LÔBO, R.B. **Programa de melhoramento genético da raça Nelore**. 2.ed. Ribeirão Preto: Universidade de São Paulo. 1992. 54p.
- LÔBO, R.N.B.; MARTINS FILHO, R.; PENNA, V.M. et al. Genetic parameters for growth traits of zebu cattle in the semi-arid region of Brazil. **Ciência Animal**, v.10, n.1, p.7-12, 2000.
- OLIVEIRA, H.N.; LÔBO, R.B.; PEREIRA, C.S. Relationships among growth curve parameters, weights and reproductive traits in Guzerá beef cows. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 5., 1994, Guelph. **Proceedings...** Guelph: University of Guelph, 1994. v.19. p.189-192.
- PALSSON, H. Conformation and Body Composition. In: HAMMOND, J. (Ed.) **Progress in the physiology of farm animals**. London: Butterworths, 1955. 575p.
- PEROTTO, D.; CUE, R.I.; LEE, A.J. Comparison of nonlinear functions for describing the growth curve of three genotypes of dairy cattle. **Canadian Journal of Animal Science**, v.72, n.4, p.773-782, 1992.
- RICHARDS, F.F. A flexible growth function for empirical use. **Journal of Experimental Botany**, v.10, n.29, p.290-300, 1959.
- SAS INSTITUTE. **User's Guide**. version 6.11., 4.ed. v.2. Cary: 1996. 842p.
- Van VLECK, L.D.; POLLAK, E.J.; BRANFORD OLTENACU, E.A. **Genetics for the animal sciences**. New York: W.H. Freeman and Company, 1987. 391p.

Recebido em: 24/05/01

Aceito em: 07/05/02