

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JULIO DE MESQUITA FILHO”  
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS  
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**ESTIMATIVA DE COMPONENTES DE (CO) VARIÂNCIA DE  
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO NA RAÇA  
BRAHMAN UTILIZANDO INFERÊNCIA BAYESIANA**

**Efraín Enrique Acevedo Jiménez  
Zootecnista**

**JABOTICABAL – SÃO PAULO - BRASIL  
2012**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JULIO DE MESQUITA FILHO”  
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS  
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**ESTIMATIVA DE COMPONENTES DE (CO) VARIÂNCIA DE  
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO NA RAÇA  
BRAHMAN UTILIZANDO INFERÊNCIA BAYESIANA**

**Efraín Enrique Acevedo Jiménez**

Orientador: **Prof. Dr. Humberto Tonhati**

Co-orientador: **Dr. Raul Aspilcueta Borquis**

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Campus de Jaboticabal, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento Animal.

**JABOTICABAL – SÃO PAULO - BRASIL**

**2012**

## DADOS CURRICULARES DO AUTOR

**EFRAIN ENRIQUE ACEVEDO JIMÉNEZ** – nascido em 10 de Setembro de 1979, na cidade de Tunja, Colômbia, filho de Ana Leonor Jiménez Gordillo e Efraín Antonio Acevedo Ortíz. Iniciou em 2003 o curso de Zootecnia na Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá, e em 2009 obteve o título de Zootecnista. Em março de 2010, ingressou no Programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária – UNESP – Campus de Jaboticabal – SP, sob orientação do Prof. Dr. Humberto Tonhati.

*Dedico...*

*A minha mãe Leo, a pessoa mais importante da minha vida, a quem devo tudo, que com seu amor e exemplo me guiou pelo caminho da vida.*

## AGRADECIMENTOS

*Ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias "Júlio de Mesquita Filho" – UNESP, pela oportunidade de realizar mais esta etapa da minha vida.*

*Ao Prof. Dr. Humberto Tonhati, pela orientação e amizade, obrigado.*

*Ao Dr. Raul Aspilcueta, muito obrigado pela coorientação, amizade e incondicionalidade.*

*Ao grupo de criadores de raça Brahman associados à ANCP, pela concessão de dados que geraram este trabalho.*

*Aos professores dos Departamentos de Zootecnia e Ciências Exatas pelos ensinamentos transmitidos.*

*Ao Francisco, por ser o amigo que me ajudou nos momentos em que mais precisava durante o meu mestrado, sem sua ótima disposição este trabalho não seria possível.*

## SUMÁRIO

	<b>Pág.</b>
<b>CAPITULO 1: CONSIDERAÇÕES INICIAIS</b>	
1.1 Introdução .....	1
1.2 Objetivo Geral .....	2
1.3 Revisão de literatura .....	3
1.3.1 A raça Brahman .....	3
1.3.2 Características de crescimento .....	4
1.3.3 Inferência bayesiana: princípios e aplicação.....	7
1.4 Referências Bibliográficas .....	8
 <b>CAPITULO 2: ESTIMATIVA DE COMPONENTES DE (CO) VARIÂNCIA DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO NA RAÇA BRAHMAN UTILIZANDO INFERÊNCIA BAYESIANA</b>	
RESUMO.....	14
INTRODUÇÃO.....	15
MATERIAL E MÉTODOS.....	17
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	20
CONCLUSÕES.....	28
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	28

## LISTA DE TABELAS

	<b>Pág.</b>
<b>CAPITULO 1</b>	
Tabela 1 - Estimativas de herdabilidade apresentadas na literatura para pesos mensurados em varias idades e raças.....	6
<b>CAPITULO 2</b>	
Tabela 1- Estatísticas descritivas do banco de dados.....	18
Tabela 2. Estimativas de componentes de variância para pesos nas idades padrão aos 60, 120, 210, 365, 450 e 550 dias.....	21
Tabela 3. Estimativas de herdabilidades para pesos nas idades padrão aos 60, 120, 210, 365, 450, e 550 dias .....	23
Tabela 4. Estimativas de correlações genéticas diretas para pesos nas idades padrão aos 60, 120, 210, 365, 450 e 550 dias.....	26
Tabela 5. Estimativas de correlações genéticas maternas para pesos nas idades padrão aos 60, 120, 210, 365, 450 e 550 dias.....	27
Tabela 6. Estimativas de correlações residuais para pesos nas idades padrão aos 60, 120, 210, 365, 450 e 550 dias.....	28
Tabela 7. Eficiência de Seleção para pesos aos 60, 120, 210,365, 450 e 550 dias.....	29

## LISTA DE FIGURAS

	<b>Pág.</b>
<b>CAPITULO 2</b>	
Figura 1. Tendência das estimativas para herdabilidade Genética Direta ( $h_A^2$ ).....	24
Figura 2. Tendência das estimativas para herdabilidade Genética Materna ( $h_M^2$ )..	24

## ESTIMATIVA DE COMPONENTES DE (CO) VARIÂNCIA DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO NA RAÇA BRAHMAN UTILIZANDO INFERÊNCIA BAYESIANA

### RESUMO:

Este trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos para características de crescimento, utilizando-se um modelo multi-característica. Foram analisados registros de 14956 animais da raça Brahman, participantes do programa de melhoramento da raça Brahman, desenvolvido pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). Por meio de inferência bayesiana foram obtidas estimativas de componentes de variância para os pesos nas idades padrão aos 60 (P60), 120 (P120), 210 (P210), 365 (P365), 450 (P450) e 550 (P550) dias. As análises foram realizadas empregando-se o software GIBBS2F90, assumindo um modelo animal. Para os pesos às idades padronizadas estudadas foram considerados os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (rebanho - ano nascimento - estação de nascimento - sexo - manejo) e idade do animal no momento da pesagem (linear e quadrático) como covariável, e os efeitos aleatórios genético aditivo direto, genético aditivo materno e residual. As estimativas de herdabilidade genética direta foram 0,31 (P60), 0,37 (P120), 0,34 (P210), 0,38 (P365), 0,37 (P450) e 0,45 (P550). As estimativas de herdabilidade genética materna foram 0,18 (P60), 0,19 (P120), 0,22 (P210), 0,14 (P365), 0,11 (P450), e 0,08 (P550). Os valores de correlação genética direta variaram de 0,79 (P60 / P450) a 0,94 (P365 / P450). Em vista dos parâmetros estimados, verifica-se que as características aqui estudadas apresentam variabilidade genética suficiente para realizar a seleção dos animais. As correlações genéticas indicam que a seleção simultânea para as características em estudo pode ser eficiente.

**Palavras chave:** análise multi-característica, características de crescimento, inferência bayesiana, Brahman.



## ESTIMATION OF VARIANCE COMPONENTS FOR GROWTH TRAITS IN BRAHMAN CATTLE USING BAYESIAN INFERENCE

### ABSTRACT:

The objective of this work was to estimate genetic parameters for growth traits using a multiple-traits model. Were analyzed records of 14956 animals of Brahman Breed, participants of Breeding Program of Brahman cattle, developed by Breeders and Researchers National Association (ANCP). Using Bayesian inference were obtained estimations of variance components for standardized weights at 60 (W60), 120 (W120), 210 (W210), 365 (W365), 450 (W450) and 550 (W550) days. Analyzes were done using Gibbs2f90 Software, assuming an animal model. For standardized weights were considered fixed effects of contemporary group (herd - birth year – birth season – sex - management) and animal age at weighting moment (linear and quadratic) as covariate, and randomized effects of direct additive genetic, maternal additive genetic and residual. Direct Heritability estimations were 0,31 (W60), 0,37 (W120), 0,34 (W210), 0,38 (W365), 0,37 (W450) and 0,45 (W550). Maternal heritability estimations were 0,18 (W60), 0,19 (W120), 0,22 (W210), 0,14 (W365), 0,11 (W450), and 0,08 (W550). Genetic correlation values varied from 0,79 (W60 / W450) a 0,94 (W365 / W450).. According estimated genetic parameters, was verified that standardized weights presented enough genetic variation for animal selection. Genetic correlations indicate that a simultaneously selection for all the traits of this study could be efficient.

**Key-words:** multiple-traits model, growth traits, Bayesian inference, Brahman.

## **CAPITULO 1: CONSIDERAÇÕES INICIAIS**

### **1.1 INTRODUÇÃO**

A pecuária de corte é uma atividade de grande importância econômica, tanto como produtora de alimento nobre para o mercado interno, como elemento importante na captação de divisas para o País, por sua inserção no mercado mundial de carne bovina (EUCLIDES FILHO, 2000).

O rebanho brasileiro atualmente é o segundo maior do mundo, com 181 milhões de cabeças (ANUALPEC, 2011). Este rebanho faz do Brasil o terceiro maior produtor de carne do mundo, com uma produção anual de 7,5 milhões de toneladas de carcaça ao ano, das quais exporta 1,8 milhões de toneladas, convertendo ao Brasil no maior exportador mundial de carne, assim que a pecuária de corte desempenha um papel vital na economia brasileira. Desse rebanho de 181 milhões de cabeças, 80% possui o sangue zebuino, tornando o Brasil a segunda pátria do zebu e o principal país na exploração de gado de origem indiana com finalidades econômicas, assim que os zebuinóis são material genético de primeira linha na pecuária brasileira. Portanto, o melhoramento genético destas raças é importante para aumentar a produtividade dos rebanhos, sendo requisito fundamental a eleição de características que realmente têm importância econômica num sistema de criação.

Segundo a FAO (2009), a população mundial em 2010 foi de 6,9 bilhões de pessoas, que consumiram de carne bovina 65 milhões de toneladas nesse ano, e chegará em 2050 a 9,1 bilhões, com uma projeção de consumo de 100 milhões de toneladas de carne bovina, assim que o setor pecuário mundial vai ter que atender

a demanda futura de 35 milhões de toneladas, aumentando não só a demanda, senão a competitividade dos produtores. A exposição dos mercados dos diversos países a essa competitividade globalizada atual, fez que a necessidade de produzir de forma eficiente e eficaz virasse sinônimo de sobrevivência no negocio. Assim, os criadores realizaram investimentos na aplicação de novas tecnologias, entre elas o melhoramento genético.

Nos programas de melhoramento genético animal, a correta definição dos objetivos e dos critérios de seleção, bem como a utilização adequada dos métodos mais modernos de estimação de valores genéticos aditivos e uso desses valores genéticos como critérios de seleção, são essenciais para maximizar a velocidade de ganho genético e aumentar a produtividade dos rebanhos. Na literatura são escassos os trabalhos em gado de corte na raça Brahman, que tenham utilizado modelo multi-característica e inferência bayesiana visando estimar parâmetros genéticos para características de crescimento, sendo que, na maioria dos trabalhos, foram utilizadas análises bicaracterísticas. Assim, contemplando a problemática anteriormente relatada, objetivou-se neste estudo estimar parâmetros genéticos para pesos aos 60, 120, 210, 365, 450 e 550 em bovinos da raça Brahman utilizando-se inferência bayesiana, por meio de análise multi-característica.

## **1.2 OBJETIVO GERAL**

- ✓ Estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos para pesos em distintas idades padrão em bovinos da raça Brahman.

## 1.3 REVISÃO DE LITERATURA

### 1.3.1. A raça Brahman

O Brahman é uma raça originária dos Estados Unidos resultado do cruzamento de quatro importantes raças zebuínas: Nelore, Gir, Guzerá e Krishna Valley. Originalmente desenvolvida com o objetivo fundamental de aliar resistência às condições inóspitas do Golfo do México com características produtivas de raças inglesas (como Angus, Hereford e Shorthorn), a raça experimentou grande sucesso nas regiões tropicais, sendo criada em mais de 70 países (FELÍCIO, 2010).

No Brasil, a sua introdução ocorreu recentemente, tendo sua primeira importação no ano de 1994, com animais originários dos Estados Unidos. Posteriormente foram importados animais da Argentina, Colômbia e Paraguai, em um total de 976 animais. Desde a sua introdução no Brasil o Brahman não parou de crescer de forma expressiva. Segundo ABCZ (2010), se verificou um aumento de 630 para 17823 animais registrados entre os anos de 2000 e 2009, notando-se um interesse crescente por parte dos produtores.

O Brahman apresenta como principais características resistência a doenças e parasitas, adaptação a altas e baixas temperaturas, fertilidade e facilidade de parto, conversão eficiente de alimentos e menor exigência alimentar, precocidade sexual e de acabamento, docilidade e habilidade materna, qualificando essa raça de *Bos indicus* para os melhores trabalhos de seleção da pecuária de corte contemporânea (MARQUES, 2003).

O atual programa de melhoramento genético adotado pela Associação dos Criadores de Brahman do Brasil (ACBB) como programa Oficial da Raça, é o Programa de Melhoramento Genético das Raças Zebuínas (PMGZ), desenvolvido e coordenado pela Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ).

### **1.3.2 Características de crescimento**

O crescimento é determinante da quantidade de carne produzida e, portanto, economicamente fundamental para a bovinocultura de corte. As características de crescimento são de fácil mensuração, avaliação e registro, além de ter a vantagem de se apresentar em ambos os sexos e em todas as idades. Devido a isto, a maioria dos programas de melhoramento genético de bovinos de corte se enfatiza em características que representam o crescimento dos animais.

Os pesos predesmama (P60, P120, P210) e os posdesmama (P365, P450, P550) são características usadas no melhoramento genético de bovinos. Em gado de corte, os efeitos maternos são importantes para as características de crescimento até a desmama, e vão se reduzindo paulatinamente nas idades posteriores. Segundo MEYER (1997), os modelos que não incluem os efeitos maternos conduzem a superestimativas da herdabilidade direta. Para obter progresso genético deve-se quantificar os componentes genéticos diretos e maternos. O modelo apresentado por DICKERSON (1947) é usado comumente no melhoramento genético de bovinos, é um modelo genético quantitativo geral no qual uma característica é a soma de um efeito direto devido ao indivíduo em que se mede o fenótipo, e um efeito materno devido à mãe.

O crescimento do animal pós-desmame é avaliado pelos pesos as idades-padrão de 365 (P365) e 455 dias de idade (P455). Nessas idades, o potencial genético do próprio animal é expresso em termos de ganho em peso, embora deve-se levar em consideração o efeito residual da habilidade materna, que vai decrescendo conforme o aumento da idade do animal.

No entanto, a pecuária de corte brasileira é reconhecida pelos seus baixos índices de produtividade. Dentre os fatores responsáveis destaca-se o baixo mérito genético dos animais, sendo que o melhoramento genético depende, principalmente, da seleção e multiplicação de animais geneticamente superiores. Desta forma, a identificação destes animais, ainda no pré-desmame, torna-se imprescindível, já que grande parte do peso de abate é atingido nesta fase (EVERLING et al., 2001).

Pesquisas na área de melhoramento genético animal tem sido de fundamental importância para a obtenção de informações que são necessárias para orientar produtores e técnicos na identificação e acasalamento de animais geneticamente superiores, visando maximizar o progresso genético obtido nos programas de seleção. Entretanto, se faz necessário o conhecimento das estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento, mensuradas. A continuação é apresentada a Tabela 1, que contém valores de estimativas de herdabilidades de pesos a diferentes idades padrão, encontradas na literatura.

**Tabela 1** - Estimativas de herdabilidade apresentadas na literatura para pesos mensurados em varias idades e raças

<b>Autor (es)</b>	<b>RAÇA</b>	<b>Idade</b>	<b>h<sup>2</sup></b>
RÍOS <i>et al.</i> , 2007	CHAROLAIS	205	0,33
	MEXICANO		
MONTES <i>et al.</i> , 2008	BRAHMAN	270	0,37
ÁVILA-SERRANO <i>et al.</i> , 2011	CEBÚ BERMEJO	210	0,32
RÍOS-UTRERA <i>et al.</i> , 2011.	LIMOUSIN	205	0,21
	MEXICANO	365	0,20
MEDINA-ZALDIVAR <i>et al.</i> , 2005	NELORE	205	0,43
ESTRADA-LEÓN <i>et al.</i> , 2008	BRAHMAN	205	0,42
FARIA <i>et al.</i> , 2011	BRAHMAN	120	0,43
		210	0,41
		365	0,40
		455	0,34
		550	0,32
SANTOS <i>et al.</i> , 2011	NELORE	205	0,33
		365	0,51
		550	0,41
MAGNABOSCO <i>et al.</i> , (2000)	NELORE	205	0,09
		365	0,27
		550	0,35
SIQUEIRA <i>et al.</i> , (2003)	NELORE	120	0,29
		455	0,50
		550	0,44
RIBEIRO <i>et al.</i> , 2007	TABAPUÃ	205	0,20
		365	0,21
		550	0,16
ARAUJO NETO <i>et al.</i> , 2011	NELORE	120	0,23
		210	0,24
		365	0,35
		450	0,37
		550	0,39

### 1.3.3 Inferência bayesiana: princípios e aplicação

A análise bayesiana consiste em uma metodologia de inferir, na qual os parâmetros são tidos como variáveis aleatórias detentoras de distribuições “*a priori*” que refletem o estágio de conhecimento sobre eles, antes mesmo de se obterem os dados (GIANOLA & FERNANDO, 1986). Neste contexto, objetiva-se descrever toda a informação sobre o valor de determinado parâmetro, utilizando-se da probabilidade como uma medida condicional da incerteza (BLASCO, 2001; BERNARDO, 2002).

Uma das principais características da metodologia Bayesiana, que a diferencia da clássica, é a abordagem no momento de se fazer inferência estatística sobre os parâmetros, a partir de uma amostra. Nos procedimentos freqüentistas assume-se que os parâmetros do modelo probabilístico são valores fixos ou constantes, embora desconhecidos, podendo existir vários estimadores. Na técnica Bayesiana, todavia, os parâmetros são vistos como variáveis aleatórias existindo, a princípio, um único estimador o qual conduz a estimativas que maximizam uma função densidade de probabilidade “*a posteriori*” (RESENDE *et al.*, 2001; TORRES *et al.*, 2007).

Outra diferença é com respeito a alguns conceitos rotineiros em estatística, que não apresentam interpretação bayesiana. Em um contexto bayesiano não existe “viés”, uma vez que repetições de um experimento não são consideradas. Com relação à categorização dos efeitos, a princípio, todos são considerados aleatórios, tornando inócua a denominação de modelos mistos.



No entanto, essa distinção requerida na genética quantitativa, é providenciada pela atribuição de “*prioris*” distintas entre os efeitos ditos “fixos” e “aleatórios” (GIANOLA & FERNANDO, 1986; BLASCO, 2001).

No que tange ao emprego de tais métodos em melhoramento animal, estes surgiram, inicialmente, como uma solução para a avaliação genética em características de limiar (GIANOLA, 1982; GIANOLA & FOLLEY, 1983); sendo essa teoria posteriormente, expandida para características de manifestação contínua (GIANOLA & FERNANDO, 1986), e empregada em diversos estudos para estimação de componentes de variância e valores genéticos, nas mais diversas espécies domésticas (MAGNABOSCO *et al.*, 2000; NOGUEIRA *et al.*, 2003; BARBOSA, 2005; TORAL *et al.*, 2007).

#### 1.4 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

**ABCZ** - Associação Brasileira dos criadores de zebu. Estatísticas de RGN e RGD. Disponível em: <<http://www.abcz.org.br>>. 2010.

**ANUALPEC**; Anuário da pecuária brasileira. Agra FNP Pesquisas Ltda. 2011.

**ARAUJO NETO**, F.R.; R.B. Lôbo; M.D.S. Mota; H.N. Oliveira. Genetic parameter estimates and response to selection for weight and testicular traits in Nelore cattle. *Genetics and Molecular Research* V.1, n.4, pág 3127-3140, 2011.

**ÁVILA-SERRANO**, N. Componentes de (co)varianza para peso al destete de ganado cebú bermejo cubano. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 14; 981-987. 2011.

**BARBOSA**, V. Inferência bayesiana no estudo genético quantitativo de características de carcaça, utilizando a técnica de ultra-sonografia e suas relações com crescimento, em novilhos da raça Nelore. 2005. 81 f. Dissertação (Mestre em Zootecnia) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2005.

**BERNARDO**, J.M. Una introducció a l'estadística bayesiana. Butlletí de La Societat Catalan de Matemàtiques, v.17, n.1. p. 7-64. 2002.

**BLASCO**, A. The bayesian controversy in animal breeding. Journal of Animal Science, v. 79, p. 2023-2046, 2001.

**DICKERSON**, GE. Composition of hog carcasses as influenced by heritable differences in rate and economy of gain. Iowa Agric Exp Stat Res Bull; 354:489-524. 1947.

**ESTRADA-LEÓN**, R.J.; **MAGAÑA**, J.G. y **SEGURA-CORREA**, J.C. Parámetros genéticos para caracteres reproductivos de vacas Brahman en un hato del sureste de México. Tropical and Subtropical Agroecosystems [en línea], vol. 8. 2008.

**EUCLIDES FILHO**, K. Produção de bovinos de corte e o trinômio genótipo ambiente mercado. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 66. (Documentos /Embrapa Gado de Corte, ISSN 1517-3747;85). 2000.

**EVERLING**, DM.; Ferreira GBB, Rorato PRN, Roso VM, et al. (2001). Heritability estimates and genetic correlation of growth characteristics in the preweaning period and scrotal circumference measurement at yearling for Angus-Nelore Beef cattle. R. Bras. Zootec. 30: 2002-2008. 2001.

**FAO.** 2009. How to feed the World in 2050. Endereço online: [http://www.fao.org/fileadmin/templates/wsfs/docs/expert\\_paper/How\\_to\\_Feed\\_the\\_World\\_in\\_2050.pdf](http://www.fao.org/fileadmin/templates/wsfs/docs/expert_paper/How_to_Feed_the_World_in_2050.pdf).

**FARIA, L.C.;** S.A. Queiroz, P.A. Vozzi, R.B. Lôbo, I.A.F. Bezerra, C. U. Magnabosco, e. J. A. Oliveira. Estudo genético quantitativo de características de Crescimento de bovinos da raça Brahman no Brasil. ARS VETERINARIA, Jaboticabal, SP, v.27, n.1, 030-035, 2011. ISSN 2175-0106.

**FELÍCIO, P.E.** Sistema de Informação da Carne. Disponível em: [http://www.sic.org.br/PDF/Racas\\_Bovinas.pdf](http://www.sic.org.br/PDF/Racas_Bovinas.pdf). 2010.

**GIANOLA, D.** Theory and analysis of threshold characters. Journal of Animal Science, Savoy, v.54, p. 1079-1096, 1982.

**GIANOLA, D.;** FOULLEY, J.L. New techniques of prediction of breeding value for discontinuous traits. In: ANNUAL NATIONAL BREEDERS ROUNDTABLE, 32, St Louis, 1983. Proceedings..St. Louis: National Breeders Roundtable,1983.p.128-154.

**GIANOLA, D.;** FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theory. Journal Animal Science, v.63, 1986, p.217-244.

**MAGNABOSCO, C.D.U.;** LÔBO, R.B.; FAMULA, T.R. Bayesian inference for genetic parameter estimation on growth traits for Nelore cattle in Brazil, using the Gibbs sampler. Journal Animal Breeding and Genetics, v.117, p.169-188. 2000.

**MARQUES, D. da C.** Criação de Bovinos. 7 ed., rev., atual e ampl. Belo Horizonte: CVP, Consultoria Veterinária e Publicações, 2003, 586 f.

**MEDINA-ZALDIVAR**, J., M. Osorio-Arce, y J. Segura- Correa. Influencias ambientales y parámetros genéticos para características de crecimiento en ganado Nelore en México. Revista Científica V.15, n.3, p.235-241,2005.

**MEYER**, K. Estimates of genetic parameters for weaning weight of beef cattle fitting a regression on maternal phenotype. Livestock Production Science, v.52, p.187-199, 1997

**MONTES** V, Donicer; **VERGARA** G, Oscar; **PRIETO** M, Esperanza y **RODRÍGUEZ** P, Andrés. Estimación de los parámetros genéticos para el peso al nacer y al destete en ganado bovino de la raza brahman. Revista MVZ Córdoba [en línea] 2008, vol. 13 [citado 2012-01-11].

**NOGUEIRA**, D.A.; **SÁFADI**, T.; **BEARZOTI**, E.; **BUENO FILHO**, J.S.S. Análises clássica e bayesiana de um modelo misto aplicado ao melhoramento animal: uma ilustração. Ciência e Agrotecnologia, edição especial, p.1614-1624, 2003.

**RESENDE**, M.D.V.; **DUDA**, L.L.; **GUIMARÃES**, P.R.B.; **FERNANDES**, J.S.C. Análise de modelos lineares mistos via inferência bayesiana. Revista de Matemática e Estatística, v.19, p.41-70, 2001.

**RIBEIRO**, S.H.A.; **PEREIRA**, J.C.C.; **VERNEQUE**, R.S.; **SILVA**, M.A.; **BERGMANN**, J.A.G.; **MARQUES**, F.S. Estudo genético-quantitativo de características de crescimento na raça Tabapuã. Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia, v.59, n.2, p.473-480, 2007.

**RÍOS**, Ángel. Guillermo Martínez Velázquez; Shogo Tsuruta; J. K. Bertrand; Vicente Eliezer Vega Murillo; Moisés Montaña Bermúdez. Estimadores de parámetros genéticos para características de crecimiento de ganado Charolais mexicano. 2007. <http://www.tecnicapecuaria.org.mx/trabajos/200705290084.pdf>

**RÍOS-UTRERA**, Ángel; Vicente Eliezer Vega-Murillo; ,Guillermo Martínez-Velázquez; Moisés Montaña-Bermúdez. Comparación de modelos para la estimación de componentes de varianza de características de crecimiento de bovinos limousin de registro.. Tropical and Subtropical Agroecosystems, 14 (2011): 667 – 674.

**SANTOS**, Geneíldes Cristina de Jesus; Marcelo Correa da Silva; Tânia Vasconcelos Cavalcante ;Fernando Brito Lopes; Jorge Luis Ferreira; Ednira Gleida Marques; Tendência genética para pesos padronizados aos 205, 365 e 550 dias de idade de bovinos Nelore da região norte do Brasil Acta Scientiarum. Animal Sciences, v. 34, n. 1, p. 97-101, Jan.-Mar., 2012

**SIQUEIRA**, R.L.P.G.; OLIVEIRA, J.A.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F.; TONHATI, H. Análise da variabilidade genética aditiva de características de crescimento na raça Nelore. Revista Brasileira de Zootecnia, v.32, n.1, p.99-105. 2003.

**TORAL**, F.L.B.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R. Abordagens freqüentista e bayesiana para avaliação genética de bovinos da raça Canchim para características de crescimento. Revista Brasileira de Zootecnia, v.36, n.1. 2007. p.43-53.

**TORRES**, J.M.C.; SANCHES, A.; CROSSA, A. Abordagem bayesiana de modelos para análise da interação genótipo por ambiente no melhoramento de plantas. In: REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO BRASILEIRA DA SOCIEDADE INTERNACIONAL DE BIOMETRIA, 52, 2007. Santa Maria. Anais... Santa Maria: RBRAS. 2007. [CD-ROM]

## **CAPITULO 2 - ESTIMATIVA DE COMPONENTES DE (CO) VARIÂNCIA DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO NA RAÇA BRAHMAN UTILIZANDO INFERÊNCIA BAYESIANA**

### **RESUMO:**

Este trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos para características de crescimento, utilizando-se um modelo multi-característica. Foram analisados registros de 14956 animais da raça Brahman, participantes do programa de melhoramento da raça Brahman, desenvolvido pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). Por meio de inferência bayesiana foram obtidas estimativas de componentes de variância para: os pesos nas idades padrão aos 60 (P60), 120 (P120), 210 (P210), 365 (P365), 450 (P450) e 550 (P550) dias. As análises foram realizadas empregando-se o software GIBBS2F90, assumindo um modelo animal. Para os pesos às idades padronizadas estudadas foram considerados os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (rebanho - ano nascimento - estação de nascimento - sexo - manejo) e idade do animal no momento da pesagem (linear e quadrático) como covariável, e os efeitos aleatórios genético aditivo direto, genético aditivo materno e residual. As estimativas de herdabilidade genética direta foram 0,31 (P60), 0,37 (P120), 0,34 (P210), 0,38 (P365), 0,37 (P450) e 0,45 (P550). As estimativas de herdabilidade genética materna foram 0,18 (P60), 0,19 (P120), 0,22 (P210), 0,14 (P365), 0,11 (P450), e 0,08 (P550). Os valores de correlação genética direta variaram de 0,79 (P60 / P450) a 0,94 (P365 / P450). Em vista dos parâmetros estimados, verifica-se que os pesos nas idades padrão na raça Brahman apresentam variabilidade genética suficiente para realizar a seleção dos animais. As correlações genéticas indicam que a seleção simultânea para as características em estudo pode ser eficiente.

**Palavras chave:** análise multi-característica, características de crescimento, inferência bayesiana, Brahman.

## **INTRODUÇÃO**

A bovinocultura de corte tem um futuro promissório que oferecerá grandes oportunidades de negocio, e os países exportadores de carne querem aproveitar o máximo possível essa oportunidade, acrescentando a competitividade dos seus produtores. Assim, os criadores devem realizar investimentos na aplicação de novas tecnologias disponíveis, entre elas o melhoramento genético animal. Pesquisas nesta área tem sido de fundamental importância para a obtenção de informações que são necessárias para orientar produtores e técnicos na identificação e acasalamento de animais geneticamente superiores, visando maximizar o progresso genético obtido nos programas de seleção.

Os programas de melhoramento genético em bovinos de corte no Brasil tem-se dado ênfase às características de crescimento, uma vez que são de fácil mensuração, avaliação, registro, tem a vantagem de apresentar-se em machos e fêmeas em todas as idades, e possuem relação direta com produção de carne, já que animais que apresentam maiores ganhos em peso necessitam de menos dias para atingirem o peso ideal de reprodução ou abate, tornando-se assim mais interessantes economicamente (VIEIRA, 2004). Os pesos prédesmama (P60, P120), desmama (P210) e pósdesmama (P365, P450, P550) são características comumente usadas no melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil.

A pecuária de corte brasileira é reconhecida pelos seus baixos índices de produtividade e entre os fatores responsáveis disto, destaca-se o baixo mérito genético dos animais. Já que o melhoramento genético depende principalmente



da seleção e multiplicação de animais geneticamente superiores, a identificação destes animais, ainda na fase pré-desmama, torna-se imprescindível já que grande parte do peso de abate é atingida nesta fase (EVERLING et al., 2001).

Em gado de corte, os efeitos maternos tem alto impacto nos pesos até desmama, e vão reduzindo-se paulatinamente nas idades posteriores. Nas idades posdesmama (P365, P450, P550), o potencial genético do próprio animal é expresso em termos de ganho em peso, embora se deva levar em consideração o efeito residual da habilidade materna, que vai decrescendo conforme o aumento da idade do animal. As características indicativas de crescimento apresentam estimativas de herdabilidade de magnitudes moderadas a altas, indicando que a seleção pode resultar em progresso genético rápido.

O melhoramento genético através da seleção de características de crescimento em bovinos é dependente da estimação acurada dos parâmetros genéticos. Essa acurácia é determinada por fatores tais como a quantidade e qualidade da informação (registros e pedigree), o modelo estatístico aplicado, e o método de estimação de componentes de covariância. O uso de um modelo multi-característica permite a incorporação de toda a informação disponível do animal, permitindo que aumente a acurácia da estimativa do parâmetro genético (POLLAK *et al.*, 1983). Visando possibilitar estimações mais acuradas e o emprego de modelos multi-característica mais complexos, têm sido empregados nos últimos anos os métodos bayesianos de estimação de componentes de variância.

Desde a sua introdução, a raça Brahman não parou de crescer, passando de 630 para 17823 animais registrados entre os anos de 2000 e 2009 (ABCZ, 2010), notando-se um interesse crescente por parte dos produtores. Na literatura são escassos os trabalhos em gado de corte na raça Brahman, que tenham utilizado modelo multi-característica e inferência bayesiana visando estimar parâmetros genéticos para características de crescimento, sendo que na maioria dos trabalhos foram utilizadas análises bicaracterísticas. Assim, o presente estudo objetivou-se estimar parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Brahman utilizando-se inferência bayesiana, por meio de análise multi-característica.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

Foram utilizados 14956 registros de pesos as idades padrão de 60 (P60), 120 (P120) 210 (P210), 365 (P365), 450 (P450) e 550 (P550) dias de animais da raça Brahman criados no Brasil, provindos do Programa de Melhoramento Genético da Raça Brahman (PMGRB), desenvolvido pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP).

Análises preliminares foram realizadas, utilizando-se do pacote estatístico SAS® (STATISTICAL ANALYSIS SYSTEMS, 2008), para formação dos grupos de contemporâneos (GC) e averiguação da consistência dos dados.

Na consistência dos dados para os pesos nas idades padrão, eliminaram-se do arquivo animais cujos registros apresentavam  $\pm 3,0$  desvios padrão da média do grupo contemporâneo (GC). Além disso, excluíram-se do banco de dados os

GC que eram formados pela progênie de um único touro e também aqueles com menos de cinco animais. Os GC foram formados pela concatenação das variáveis: rebanho, ano de nascimento, estação de nascimento (seca e chuvosa), sexo e grupo de manejo. As principais estatísticas descritivas do banco de dados são apresentados na Tabela 1.

**Tabela 1.** Estatísticas descritivas do banco de dados.

<b>Características</b>	<b>Número de observações</b>	<b>Média (kg)</b>	<b>Desvio Padrão (kg)</b>
<b>P60</b>	2423	84,8	16,02
<b>P120</b>	4038	131,5	25,65
<b>P210</b>	4179	187,9	32,73
<b>P365</b>	3279	227,6	37,91
<b>P450</b>	3276	267,7	48,40
<b>P550</b>	3114	308,1	55,64

As análises foram realizadas empregando um modelo animal multi-característica (P60, P120, P210, P365, P455, P550), em que se consideraram como efeito fixos o grupo contemporâneo (GC) e a idade do animal ao momento da pesagem como covariável (linear e quadrática); foram considerados como aleatórios os efeitos genético aditivo direto, genético materno, e residual.

Devido ao baixo número de progênies por mãe (1,2) no banco de dados, não foi considerado o efeito de ambiente permanente materno, já que o mínimo é duas progênies por mãe. A obtenção dos componentes de (co)variância foi realizada por inferência bayesiana empregando o programa GIBBS2F90 (MISZTAL, 2011), no qual se encontra implementado o amostrador de Gibbs. O modelo completo da multi-característica pode ser assim apresentado:

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

em que,  $y$ ,  $\beta$ ,  $a$ ,  $m$  e  $\varepsilon$  são os vetores de observações, dos efeitos fixos, valores genéticos aditivos diretos, valores genéticos aditivos maternos e efeitos residuais, respectivamente;  $X$ ,  $Z_1$  e  $Z_2$ , as matrizes de incidência que associam  $\beta$ ,  $a$  e  $m$  às observações. Foram consideradas distribuições a priori uniformes para os efeitos fixos, distribuições gaussianas para os coeficientes genéticos aditivo direto, genético materno e distribuições Wishart invertida para os componentes de variância, tal que:

$$\begin{aligned} \beta &\propto \text{constante} & a &| G_a \sim MVN[0, (A \otimes G_a)] \\ m &| G_m \sim MVN[0, (A \otimes G_m)] & G_m &| S_m, \nu_m \sim IW[S_m \nu_m, \nu_m] \\ G_a &| S_a, \nu_a \sim IW[S_a \nu_a, \nu_a] & R &| S_r, \nu_r \sim IW[S_r \nu_r, \nu_r] \end{aligned}$$

onde  $A$ ,  $G_a$ ,  $G_m$ ,  $I_n$  são, respectivamente, as matrizes de parentesco, covariâncias de efeitos genéticos diretos, genéticos maternos, residual e identidade e;  $\otimes$  é o operador do produto Kronecker;  $S_a$  e  $\nu_a$ ;  $S_m$  e  $\nu_m$ ;  $S_r$  e  $\nu_r$  são os valores "a priori" e graus de liberdade para as (co)variâncias aditivas diretas, aditivas maternas, e residual, nesta ordem.

Foi estabelecida uma cadeia de comprimento de 1.000.000 ciclos, com um descarte inicial de 100.000, e coleta de amostras a cada 100, totalizando 9000 amostras para análises posteriores. A convergência da cadeia foi determinada utilizando os procedimentos de HEIDELBERG & WELCH (1983), disponíveis no pacote computacional BOA, do software estatístico R (2011).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Utilizando-se da informação de estacionalidade presente no teste de HEIDELBERGER & WELCH (1983) verificou-se que em algumas análises, foi necessário descartar um número maior de ciclos, para a obtenção de uma cadeia estável. Este descarte (Tabelas 2, 3 e 4) pode ser explicado pelo grande número de parâmetros a serem estimados neste modelo (63), ocasionando maior dificuldade na convergência da cadeia (WANG et al., 1993). Entretanto, o número de amostras restantes (3600 a 9000) foi suficiente para descrever a distribuição a posteriori dos parâmetros estimados.

Na Tabela 2 encontram-se as estimativas das variâncias genética aditiva, residual e fenotípica, as quais apresentam tendências semelhantes, incrementando paulatinamente os valores das estimativas de P60 até P550. Entretanto, as estimativas da variância genética materna incrementam até os P210 para depois decrescer nas idades posteriores, observando-se uma menor influência do efeito materno.

**Tabela 2.** Estimativas de componentes de variância para pesos nas idades padrão aos 60, 120, 210, 365, 450 e 550 dias.

Componente de variância	Característica	Média	DP	IAD (95%)		Burn-in	Aeff
				LI	LS		
$\sigma_A^2$	P60	46,2	8,0	30,2	61,5	0	390,4
	P120	140,7	26,5	91,5	194,4	0	595,3
	P210	241,4	42,9	160,3	325,1	5400	194,1
	P365	337,1	64,8	213,9	465,4	900	285,4
	P450	378,9	69,2	250,4	520,8	0	652,3
	P550	577,6	86,9	411,3	745,9	0	696,1
$\sigma_M^2$	P60	27,0	4,2	18,4	34,9	0	457,8
	P120	72,1	8,9	54,8	89,4	0	934,7
	P210	153,8	18,2	118,8	189,6	5400	498,1
	P365	126,3	19,4	90,0	165,3	900	970,1
	P450	114,9	21,9	72,1	158,2	0	584,3
	P550	107,1	23,4	61,9	152,3	0	524,4
$\sigma_R^2$	P60	77,8	5,8	66,3	88,7	0	561,6
	P120	164,7	15,6	133,9	194,5	0	692,1
	P210	305,9	25,0	255,2	350,9	5400	219,5
	P365	426,3	39,6	345,6	498,9	900	381,5
	P450	525,1	43,3	440,9	611,3	0	878,9
	P550	583,2	55,1	475,4	691,0	0	967,6
$\sigma_F^2$	P60	150,9	4,5	142,2	159,8	0	1407,1
	P120	377,5	11,1	356,3	399,0	0	1185,1
	P210	701,0	18,6	662,3	734,6	5400	739,3
	P365	889,7	27,1	838,1	944,3	900	968,7
	P450	1018,9	30,0	959,7	1076,7	0	1421,2
	P550	1267,9	39,4	1195,8	1348,8	0	2147,6

*DP* = Desvio Padrão; *IAD*=intervalo de alta densidade; *LS* = limite superior; *LI* = limite inferior; *Burn-in*= Número de ciclos descartados; *Aeff*=Tamanho efetivo de amostra.

Componentes:  $\sigma_A^2$ = Variância Genética Aditiva,  $\sigma_M^2$ = Variância Genética Materna,

$\sigma_R^2$ = Variância Residual,  $\sigma_F^2$  = Variância Fenotípica.

Na Tabela 3 encontram-se estimativas de herdabilidades genéticas diretas e maternas para pesos nas diferentes idades padrão. As estimativas de herdabilidade direta para os pesos nas idades padrão tiveram magnitude de moderada ( $h_A^2$  (P60) = 0,31) a alta ( $h_A^2$  (P550) = 0,45), indicando que a variação é determinada em parte importante pela ação aditiva dos genes, podendo responder de forma adequada ao processo de seleção. Estes valores das estimativas de herdabilidade genética direta são próximos aos relatados na raça Brahman na literatura (ESTRADA-LEON *et al.*, 2008, FARIA *et al.*, 2011). Entretanto estas mesmas estimativas foram superiores quando comparadas com as de outras raças zebuínas (AVILA-SERRANO *et al.*, 2008, SANTOS *et al.*, 2011, MAGNABOSCO *et al.*, 2000, RIBEIRO *et al.*, 2007).

Com relação às estimativas de herdabilidade materna ( $h_M^2$ ) foram de moderada ( $h_M^2$  (P210) = 0,22) a baixa ( $h_M^2$  (P550) = 0,09) magnitude. Observaram-se maiores estimativas nas características prédesmama (P60, P120 e P210), como era de esperar-se para  $h_M^2$ , para depois decrescer progressivamente nas características pósdesmama (P365, P450 e P550). As estimativas de herdabilidade materna tiveram magnitudes similares às de outros estudos em raças zebuínas (FARIA, *et al.*, 2011, MAGNABOSCO *et al.*, 2000, RIBEIRO *et al.*, 2007 e ARAUJO NETO *et al.*, 2011).

**Tabela 3.** Estimativas de herdabilidades genéticas diretas e maternas para pesos nas idades padrão aos 60, 120, 210,365, 450, e 550 dias.

Estimativa	Característica	Média	DP	IAD (95%)		Burn-in	Aeff
				LI	LS		
$h_A^2$	P60	0,305	0,049	0,205	0,398	0	394,713
	P120	0,371	0,062	0,249	0,492	0	587,921
	P210	0,344	0,056	0,239	0,453	5400	196,305
	P365	0,378	0,065	0,251	0,503	900	313,122
	P450	0,371	0,061	0,257	0,494	0	623,600
	P550	0,454	0,059	0,343	0,572	0	653,522
$h_M^2$	P60	0,179	0,027	0,125	0,233	0	506,345
	P120	0,191	0,024	0,145	0,240	0	909,925
	P210	0,219	0,026	0,168	0,270	5400	390,068
	P365	0,142	0,023	0,101	0,188	900	817,729
	P450	0,113	0,022	0,069	0,154	0	597,546
	P550	0,085	0,019	0,050	0,122	0	513,943

*DP* = Desvio Padrão; *IAD*=intervalo de alta densidade; *LS* = limite superior; *LI* = limite inferior; *Burn-in*= Número de ciclos descartados; *Aeff*=Tamanho efetivo de amostra.

Parâmetros:  $h_A^2$  = Herdabilidade genética direta,  $h_M^2$  = Herdabilidade genética materna.



Tendências das estimativas de herdabilidades genética direta e materna são apresentadas graficamente nas figuras 1 e 2 como ilustração do seu comportamento.

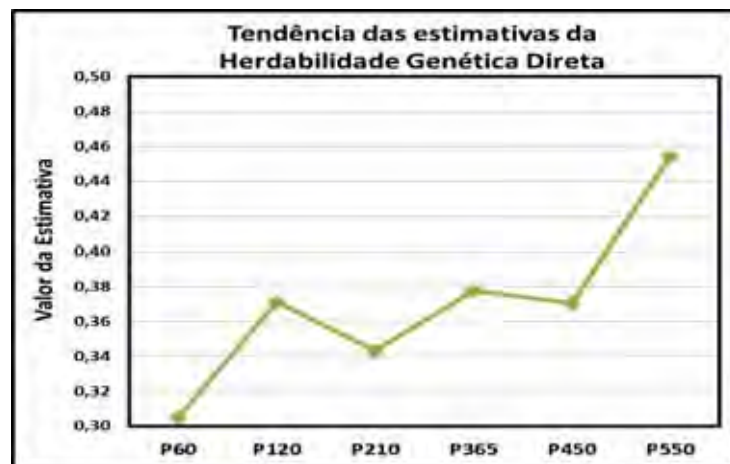


Figura 1. Tendência das estimativas para herdabilidade Genética Direta ( $h_A^2$ )

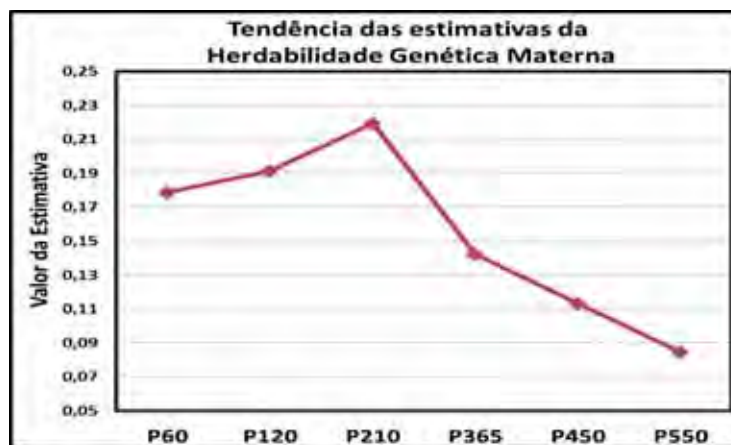


Figura 2. Tendência das estimativas para herdabilidade Genética Materna ( $h_M^2$ )

Na Tabela 4 estão apresentadas as estimativas de correlações genéticas diretas para os pesos nas idades padrão. Estas correlações foram positivas de magnitude moderada ( $C_A$  (P60 / P450) = 0,79) até alta ( $C_A$  (P365 / P450) = 0,94), o que indica que são determinadas em grande parte, pela ação aditiva dos mesmos conjuntos de genes. . Devido a que as correlações genéticas foram altas e positivas, evidencia que a seleção de animais com maiores pesos em uma idade padrão prematura, aumentará os pesos nas posteriores idades padrão aqui estudadas. Portanto, a seleção com base em determinado peso, dependendo da intensidade de seleção aplicada, pode em médio e longo prazo levar a um aumento nos demais pesos dos animais

Nas Tabelas 5 e 6, apresentam-se as correlações genéticas maternas e residuais para os pesos nas idades padrão. As correlações genéticas maternas apresentam magnitude alta, com a tendência a diminuir na medida que determinada idade padrão é distante da outra com que se relaciona. As correlações residuais tem a mesma tendência que as correlações maternas, mas com menores magnitudes.

Na Tabela 7 encontram-se as eficiências de seleção para pesos nas idades padrão. O valor de eficiência de seleção mais alto foi para P60-P550 (1,137), seguido da eficiência para P210-P550 (1,021). Pesos às idades padrão são o melhor critério de seleção, já que provem ganhos indiretos substanciais nos outros pesos. P60 foi o critério de seleção mais efetivo entre as características em estudo.

**Tabela 4.** Estimativas de correlações genéticas diretas para pesos nas idades padrão aos 60, 120, 210,365, 450 e 550 dias.

Característica	Média	DP	IAD(95%)		Burn-in	Aeff
			LI	LS		
P60 / P120	0,882	0,044	0,796	0,959	2700	196,283
P60 / P210	0,930	0,029	0,871	0,976	5400	69,350
P60 / P365	0,806	0,064	0,678	0,918	0	317,230
P60 / P450	0,792	0,079	0,645	0,947	0	219,330
P60 / P550	0,918	0,044	0,826	0,989	5400	30,901
P120 / P210	0,934	0,031	0,872	0,984	5400	35,666
P120 / P365	0,867	0,055	0,759	0,960	5400	124,773
$C_A$ P120 / P450	0,828	0,072	0,683	0,949	5400	118,802
P120 / P550	0,832	0,062	0,715	0,942	0	300,727
P210 / P365	0,916	0,040	0,835	0,978	5400	64,742
P210 / P450	0,880	0,054	0,768	0,972	0	189,778
P210 / P550	0,879	0,053	0,779	0,981	5400	42,100
P365 / P450	0,938	0,029	0,883	0,987	0	199,320
P365/ P550	0,832	0,051	0,734	0,927	0	424,441
P450 / P550	0,914	0,028	0,859	0,965	0	528,234

*DP* = Desvio Padrão; *IAD*=intervalo de alta densidade; *LS* = limite superior;

*LI* = limite inferior; *Burn-in*= Número de ciclos descartados;

*Aeff*=Tamanho efetivo de amostra; Parâmetro:  $C_A$  = Correlação Genética Direta.

**Tabela 5.** Estimativas de correlações genéticas maternas para pesos nas idades padrão aos 60, 120, 210, 365, 450 e 550 dias.

Característica	Média	DP	IAD(95%)		Burn-in	Aeff
			LI	LS		
P60 / P120	0,950	0,021	0,907	0,986	4500	162,560
P60 / P210	0,875	0,049	0,781	0,962	5400	157,109
P60 / P365	0,895	0,041	0,817	0,971	0	357,133
P60 / P450	0,888	0,058	0,780	0,989	0	191,355
P60 / P550	0,822	0,084	0,670	0,977	0	233,899
P120 / P210	0,964	0,014	0,936	0,990	0	537,185
P120 / P365	0,870	0,049	0,776	0,960	2700	288,240
$c_M$ P120 / P450	0,872	0,076	0,743	0,997	5400	48,713
P120 / P550	0,795	0,088	0,634	0,970	1800	180,347
P210 / P365	0,917	0,034	0,851	0,978	0	312,504
P210 / P450	0,879	0,056	0,767	0,973	4500	93,926
P210 / P550	0,854	0,061	0,738	0,967	0	355,533
P365 / P450	0,918	0,037	0,846	0,982	0	361,490
P365 / P550	0,896	0,047	0,800	0,971	0	409,109
P450 / P550	0,915	0,039	0,841	0,987	0	238,697

$DP$  = Desvio Padrão;  $IAD$ =intervalo de alta densidade;  $LS$  = limite superior;

$LI$  = limite inferior;  $Burn-in$ = Número de ciclos descartados;  $Aeff$ =Tamanho efetivo de amostra. Parâmetro:  $c_M$  = Correlação Genética Materna

**Tabela 6.** Estimativas de correlações residuais para pesos aos 60, 120, 210,365, 450 e 550 dias.

Característica	Média	DP	IAD(95%)		Burn-in	Aeff
			LI	LS		
P60 / P120	0,678	0,035	0,609	0,748	2700	326,923
P60 / P210	0,452	0,045	0,362	0,537	900	824,840
P60 / P365	0,354	0,055	0,245	0,459	0	1103,005
P60 / P450	0,232	0,055	0,125	0,339	0	1304,460
P60 / P550	0,106	0,073	-0,039	0,245	0	878,691
P120 / P210	0,627	0,034	0,559	0,690	5400	465,769
P120 / P365	0,503	0,049	0,408	0,600	0	768,630
$C_R$ P120 / P450	0,404	0,054	0,298	0,509	0	840,028
P120 / P550	0,246	0,067	0,110	0,371	0	990,381
P210 / P365	0,672	0,034	0,607	0,739	5400	305,280
P210 / P450	0,523	0,044	0,434	0,604	0	623,615
P210 / P550	0,422	0,054	0,311	0,523	0	685,136
P365 / P450	0,794	0,023	0,749	0,837	0	392,150
P365/ P550	0,710	0,037	0,636	0,784	0	701,349
P450 / P550	0,840	0,021	0,798	0,881	0	677,188

$DP$  = Desvio Padrão;  $IAD$ =intervalo de alta densidade;  $LS$  = limite superior;

$LI$  = limite inferior; Burn-in= Número de ciclos descartados;

Aeff=Tamanho efetivo de amostra.

Parâmetro:  $C_R$  = Correlação Residual.

**Tabela 7.** Eficiência de Seleção para pesos aos 60, 120, 210,365, 450 e 550 dias.

Característica	Média	Desvio Padrão	IAD		Burn-in	Aeff
			LI	LS		
<i>P60-P120</i>	0,979	0,090	0,791	1,150	0	404,2
<i>P60-P210</i>	0,997	0,077	0,855	1,156	0	329,4
<i>P60-P365</i>	0,897	0,123	0,655	1,129	0	150,8
<i>P60-P450</i>	0,880	0,140	0,587	1,141	0	274,2
<i>P60-P550</i>	1,137	0,103	0,922	1,330	0	194,5
<i>P120-P60</i>	0,806	0,079	0,656	0,969	0	231,9
<i>P120-P210</i>	0,895	0,056	0,792	1,015	5400	221,4
<i>P120-P365</i>	0,889	0,106	0,681	1,099	0	228,8
<i>P120-P450</i>	0,845	0,116	0,620	1,067	0	310,8
<i>P120-P550</i>	0,928	0,115	0,707	1,154	0	365,4
<i>P210-P60</i>	0,880	0,078	0,725	1,026	5400	26,6
<i>P210-P120</i>	0,979	0,079	0,833	1,129	5400	37,8
<i>P210-P365</i>	0,968	0,099	0,790	1,168	5400	25,6
<i>P210-P450</i>	0,919	0,107	0,705	1,126	5400	100,8
<i>P210-P550</i>	1,021	0,116	0,793	1,239	5400	88,0
<i>P365-P60</i>	0,726	0,089	0,550	0,903	900	311,6
<i>P365-P120</i>	0,873	0,100	0,681	1,069	1800	223,4
<i>P365-P210</i>	0,881	0,086	0,716	1,053	900	263,8
<i>P365-P450</i>	0,937	0,080	0,791	1,101	0	219,2
<i>P365-P550</i>	0,919	0,099	0,736	1,123	900	393,7
<i>P450-P60</i>	0,722	0,098	0,537	0,915	0	447,0
<i>P450-P120</i>	0,844	0,106	0,626	1,049	0	402,1
<i>P450-P210</i>	0,848	0,085	0,681	1,015	5400	166,2
<i>P450-P365</i>	0,945	0,070	0,808	1,082	0	323,6
<i>P450-P550</i>	1,016	0,069	0,882	1,152	0	453,6
<i>P550-P60</i>	0,760	0,062	0,640	0,891	0	360,0
<i>P550-P120</i>	0,753	0,088	0,582	0,928	0	419,5
<i>P550-P210</i>	0,771	0,077	0,627	0,934	0	333,8
<i>P550-P365</i>	0,756	0,075	0,612	0,909	0	531,0
<i>P550-P450</i>	0,825	0,056	0,715	0,933	0	508,3

## CONCLUSÕES

Em vista dos parâmetros genéticos estimados, verifica-se que os pesos nas idades padrão na raça Brahman apresentam variabilidade genética suficiente para realizar a seleção dos animais. As correlações genéticas indicam que a seleção simultânea para pesos às idades padrão pode ser eficiente. P60 foi o critério de seleção mais efetivo entre as características em estudo.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABCZ**; ASSOCIACAO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU. Estatísticas de RGN e RGD. Disponível em: <<http://www.abcz.org.br>>. 2010.
- ARAUJO NETO**, F.R.; R.B. Lôbo; M.D.S. Mota; H.N. Oliveira. Genetic parameter estimates and response to selection for weight and testicular traits in Nelore cattle. *Genetics and Molecular Research* 10 (4): 3127-3140 (2011).
- ÁVILA-SERRANO**, Narcizo. Componentes de (co)varianza para peso al destete de ganado cebú bermejo cubano. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 14; 981-987. 2008.
- ESTRADA-LEÓN**, R.J.; MAGAÑA, J.G. y SEGURA-CORREA, J.C.. Parámetros genéticos para caracteres reproductivos de vacas Brahman en un hato del sureste de México. *Tropical and Subtropical Agroecosystems* [en línea] 2008, vol. 8
- EVERLING**, DM.; Ferreira GBB, Rorato PRN, Roso VM, et al. (2001). Heritability estimates and genetic correlation of growth characteristics in the preweaning period and scrotal circumference measurement at yearling for Angus-Nelore Beef cattle. *R. Bras. Zootec.* 30: 2002-2008. 2001.

**FARIA, L. C.;** S. A. Queiroz, P. A. Vozzi, R. B. Lôbo, I. A. F. Bezerra, C. U. Magnabosco, e. J. A. Oliveira. Estudo genético quantitativo de características de Crescimento de bovinos da raça Brahman no brasil. ARS VETERINARIA, Jaboticabal, SP, v.27, n.1, 030-035, 2011. ISSN 2175-0106

**HEIDELBERG, P.;** **WELCH, P.** Simulation run length control in the presence of an initial transient. Oper. Res., Maltimore, v.31, p.1109-1144, 1983.

**MAGNABOSCO, C.D.U.;** LÔBO, R.B.; FAMULA, T.R. Bayesian inference for genetic parameter estimation on growth traits for Nelore cattle in Brazil, using the Gibbs sampler. Journal animal breeding and genetics, Berlin, v.117, p.169-188. 2000.

**MISZTAL,I.** BLUPF90 family of programs. <http://nce.ads.uga.edu/~ignancy/newprograms.html>>.Acessado em: janeiro de 2011.

**POLLAK, E.J.;** WERF, J.V.; QUAAS, R.L. Selection bias and multiple trait evaluation. Journal Dairy Science, v.67, p.1590-1595. 1983.

**R,** Software for Windows, Software Version for R-2.14.1. R: A language and environment for statistical computing. RFoundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, <http://www.R-project.org>. 2011.

**RIBEIRO, S.H.A.;** PEREIRA, J.C.C.; VERNEQUE, R.S.; SILVA, M.A.; BERGMANN, J.A.G.; MARQUES, F.S. Estudo genético-quantitativo de características de crescimento na raça Tabapuã. Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia, v.59, n.2, p.473-480, 2007.



**SANTOS**, G.C; **CORREA** M.; **VASCONCELOS** T.; **BRITO** F.; **FERREIRA** J.L.; **MARQUES** E.G.; Tendência genética para pesos padronizados aos 205, 365 e 550 dias de idade de bovinos Nelore da região norte do Brasil Acta Scientiarum. Animal Sciences Maringá, v. 34, n. 1, p. 97-101, Jan.-Mar., 2011

**STATISTICAL ANALYSIS SYSTEMS - SAS**. User's guide: Version 6.11 ed. Cary: 2008.

**WANG**, C.S.; J. Rutledge and D. Gianola. Marginal inferences about variance components in a mixed linear model using Gibbs sampling. Genetics Selection Evolution GSE 25(1): 41-62, 1993.