

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CAMPUS DE JABOTICABAL

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS
PONDERAIS, DE CARÇAÇA E *STAYABILITY* EM BOVINOS
NELORE UTILIZANDO ANÁLISE UNI E
MULTICARACTERÍSTICAS EM ABORDAGEM BAYESIANA**

Isabella Silva de Carvalho

Zootecnista

2023

**D
I
S.
S.**

/

**C
A
R
V
A
L
H
O**

**I.
S.**

**2
0
2
3**

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CAMPUS DE JABOTICABAL

**AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS PONDERAIS, DE CARÇAÇA E
STAYABILITY EM BOVINOS NELORE UTILIZANDO ANÁLISE UNI E
MULTICARACTERÍSTICAS EM ABORDAGEM BAYESIANA**

Discente: Isabella Silva de Carvalho

Orientador: Dr. Humberto Tonhati

Coorientadora: Dra. Sirlene Fernandes Lázaro

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Ciência Animal

2023

C331a	<p>Carvalho, Isabella Silva de</p> <p>Avaliação Genética De Características Ponderais, De Carcaça E Stayability Em Bovinos Nelore Utilizando Análise Uni E Multicaracterísticas Em Abordagem Bayesiana / Isabella Silva de Carvalho. -- Jaboticabal, 2024</p> <p>113 p. : il., tabs.</p> <p>Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal</p> <p>Orientador: Humberto Tonhati</p> <p>Coorientadora: Sirlene Fernandes Lázaro</p> <p>1. Longevidade. 2. Carcaças. 3. Gordura. 4. Melhoramento genético. 5. Bovinos de corte. I. Título.</p>
-------	--

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

Impacto potencial desta pesquisa

Esta dissertação aborda a estimação dos componentes de variância, tendências genéticas, correlações genéticas, bem como ganho genético e resposta correlacionada para características ponderais, de carcaça e *stayability* em bovinos da raça Nelore. Almeja-se que com esses resultados auxiliem a compreensão do comportamento nas características analisadas e, conseqüentemente em uma seleção mais eficiente. A pesquisa objetiva não só contribuir para o conhecimento científico, mas também incluir aplicações práticas na indústria pecuária. Produtores podem usar essas informações para direcionar seus programas de seleção, otimizando a produtividade, a eficiência do rebanho e rentabilidade do produtor ao orientar a seleção de características que influenciam diretamente a produtividade do gado Nelore.

Potential Impact of this Research

This dissertation addresses the estimation of variance components, genetic trends, genetic correlations, as well as genetic gain and correlated response for ponderal, carcass, and *stayability* traits in Nelore cattle. The aim is that these results assist in understanding the behavior of the analyzed traits and, consequently, contribute to more efficient selection practices. The research seeks not only to contribute to scientific knowledge but also to have practical applications in the livestock industry. Producers can use this information to guide their selection programs, optimizing the productivity, efficiency of the herd, and the profitability of the producer by directing the selection of traits that directly influence Nelore cattle productivity.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS PONDERAIS, DE CARÇAÇA E *STAYABILITY* EM BOVINOS NELORE UTILIZANDO ANÁLISE UNI E MULTICARACTERÍSTICA EM ABORDAGEM BAYESIANA

AUTORA: ISABELLA SILVA DE CARVALHO


ORIENTADOR: HUMBERTO TONHATI

COORIENTADORA: MARIA EUGÊNIA ZERLOTTI MERCADANTE


COORIENTADORA: SIRLENE FERNANDES LÁZARO

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em Ciência Animal, área: Genética e Melhoramento Animal pela Comissão Examinadora:


Pós-doutoranda SIRLENE FERNANDES LÁZARO (Participação Virtual)
Departamento de Zootecnia / FCAV UNESP Jaboticabal

 Documento assinado digitalmente
SIRLENE FERNANDES LAZARO
Data: 12/12/2023 19:39:26-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. FERNANDO SEBASTIAN BALDI REY (Participação Virtual)
Departamento de Zootecnia / FCAV UNESP Jaboticabal

 Documento assinado digitalmente
FERNANDO SEBASTIAN BALDI REY
Data: 13/12/2023 11:07:50-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Profa. Dra. HINAYAH ROJAS DE OLIVEIRA (Participação Virtual)
Department of Animal Sciences / Purdue University - West Lafayette/IN/EUA

 Documento assinado digitalmente
HINAYAH ROJAS DE OLIVEIRA
Data: 13/12/2023 11:02:00-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Jaboticabal, 12 de dezembro de 2023

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

Isabella Silva de Carvalho – nascida na cidade de Altinópolis, São Paulo, Brasil, no dia 17 de abril de 1997, filha de Evaldo Augusto de Carvalho e Rosilena Aparecida da Silva Carvalho. Em 2017 ingressou no curso de Bacharelado em Zootecnia na Universidade Estadual Paulista – UNESP, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – FCAV, Campus Jaboticabal, São Paulo. Realizou estágio extracurricular no Departamento de Zootecnia da faculdade na área de Melhoramento Genético Animal em bubalinos, sob orientação do Prof.º Dr.º Humberto Tonhati, entre 2019 e 2021. Participou do Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica, com o projeto intitulado “Seleção genômica para características de produção e qualidade do leite de búfalas”, com fomento do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq, entre 2019 e 2020. Participou do Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica, com o projeto intitulado “Seleção genômica em características de longevidade e produção de leite em búfalos (*Bubalus bubalis*) baseado em *single-step* GBLUP”, com fomento da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo - FAPESP, entre 2020 e 2021. Em 2021 cumpriu o estágio obrigatório no Instituto de Zootecnia (IZ), Fazenda Experimental, na cidade de Sertãozinho, São Paulo, atuando em coleta e mensuração de gás metano em bovinos Nelore. Em 2022 obteve o título de Bacharel em Zootecnia e iniciou o Mestrado Acadêmico no Programa de Pós-graduação em Ciência Animal (PPGCA) na Universidade Estadual Paulista - UNESP, FCAV, Campus de Jaboticabal - SP, como bolsista do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq, sob orientação do Prof. Dr. Humberto Tonhati.

“A tarefa não é tanto ver aquilo que ninguém viu, mas pensar o que ninguém
ainda pensou sobre aquilo que todo mundo vê.” - Arthur Schopenhauer

À minha querida irmã, Isadora, e aos meus amados pais, Rosilena e Evaldo, cujo amor inigualável e apoio infinito foram a luz que guiou meu caminho ao longo desta jornada.

AGRADECIMENTOS

Agradeço, em primeiro lugar, a Deus por não me desamparar ao longo desta jornada e por iluminar meu caminho nas sombras;

Aos meus pais, Evaldo e Rosilena, expresso minha profunda gratidão pela compreensão e apoio durante este período da minha jornada acadêmica. Agradeço pelo amor inabalável demonstrado diariamente e pela fé depositada em mim, motivando-me a ser melhor a cada dia. Eles são fontes de inspiração em força, garra e persistência, nunca me faltando;

Manifesto minha gratidão à minha avó Alcídia, que partiu em 2021, deixando saudades e um legado imenso em minha vida. Agradeço o amor, cuidado e zelo dedicados a mim, e por ser meu suporte nos momentos de fé abalada;

Ao meu avô Clarindo, que partiu em 2022, deixando sua alegria e simplicidade de levar a vida;

Ao meu orientador, Professor Dr. Humberto Tonhati, expresso minha gratidão pela oportunidade concedida e pela confiança depositada em mim durante o mestrado;

À minha coorientadora, Dra. Sirlene Fernandes Lázaro, agradeço a paciência, ensinamentos e por acreditar no meu potencial, sempre me incentivando a ser melhor;

À banca de defesa, Professora Dra. Hinayah Rojas de Oliveira e Professor Dr. Fernando Sebastian Baldi Rey, agradeço as considerações e sugestões que agregaram ao meu conhecimento e a finalização deste trabalho;

À FCAV/UNESP Jaboticabal, agradeço o suporte contínuo;

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq - Processo nº 130046/2022-1), expresso minha gratidão pelo fomento e auxílio que viabilizaram a dedicação exclusiva a este estudo;

À Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), agradeço o fornecimento dos dados que possibilitaram a realização deste trabalho;

À minha irmã Isadora, minha confidente e amiga, agradeço por sua presença nas crises e por acreditar em mim nos momentos de dúvida;

Ao meu namorado, Mateus, agradeço por todo o apoio nestes anos de pós-graduação, pela compreensão da minha ausência, pelo amor e carinho em cada momento difícil, e por nunca me deixar desistir;

À minha amiga Larissa, pelos dois anos de apoio, compreensão, amor, carinho, auxílio, cuidado e paciência durante a pós-graduação;

À minha prima Tássia e ao pequeno Estêvão, cujo apoio e amor foram essenciais nesta jornada;

Aos meus avós, Aparecido e Neuza, e à minha madrinha Ilda, agradeço pelas orações e pelo amor diário;

A todos eles, minha sincera gratidão!

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	iii
ABSTRACT.....	iv
1.1 Introdução	1
1.2 Objetivos	2
1.2.1 Objetivo geral	2
1.2.2 Objetivos específicos	2
1.3 Revisão de Literatura.....	3
1.3.1 Bovinos Nelore	3
1.3.2 <i>Stayability</i>	4
1.3.3 Características ponderais	6
1.3.4 Características de carcaça	8
1.3.5 Modelos multicaracterística	10
1.4 Referências bibliográficas	12
2. CAPÍTULO 2 – Estimação dos parâmetros e tendências genéticas para características ponderais, de carcaça e diferentes <i>stayability</i> em bovinos Nelore utilizando análise unicaracterística.....	23
2.1 Introdução.....	25
2.2 Material e métodos	26
2.2.1 Dados fenotípicos.....	26
2.2.2 Análises estatísticas	28
2.2.3 Tendência genética	31
2.3 Resultados e discussão	32
2.3.1 Estimativas de herdabilidade.....	35
2.3.2 Tendências genéticas	38
2.4 Conclusão.....	45

2.5 Referências bibliográficas.....	45
3. CAPÍTULO 3 – Correlações genéticas entre <i>stayability</i> mensurada em três períodos diferentes e características ponderais e de carcaça em análises multicaracterísticas em bovinos Nelore usando abordagem Bayesiana	54
3.1 Introdução	56
3.2 Material e métodos.....	57
3.2.1 Dados fenotípicos	57
3.2.2 Análises estatísticas	59
3.2.3 Ganho genético e resposta correlacionada.....	62
3.3 Resultados e discussão	63
3.3.1 Estimativas de correlações	68
3.3.2 Ganhos genéticos e resposta correlacionada.....	70
3.4 Conclusão.....	73
3.5 Referências bibliográficas	74

AVALIAÇÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS PONDERAIS, DE CARÇAÇA E STAYABILITY EM BOVINOS NELORE UTILIZANDO ANÁLISE UNI E MULTICARACTERÍSTICAS EM ABORDAGEM BAYESIANA

RESUMO – A raça Nelore, que compõe 80% do rebanho bovino brasileiro, destaca-se por sua adaptação ao clima tropical. Suas características ponderais, de carcaça e *stayability* desempenham um papel crucial, influenciando não apenas o desempenho econômico, mas também o bem-estar e a rentabilidade dos rebanhos. Este estudo buscou avaliar geneticamente essas características, utilizando análises uni e multicaracterísticas, sendo a P450 característica “âncora” empregando uma abordagem Bayesiana. O banco de dados, composto por informações de 94.703 animais, abrangeu pesos padronizados aos 210 (P210), 365 (P365), 450 (P450) dias, área do olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea no lombo (EG) e na picanha (EGP8), além da *stayability* aos 48 (STAY48), 54 (STAY54) e 72 (STAY72) meses. As herdabilidades aditivas diretas obtidas em análises unicaracterísticas variaram de baixa (0,11 a 0,18) para as STAYs, a moderada (0,30 a 0,40) para as características ponderais. Tendências genéticas positivas ao longo dos anos foram observadas para EGP8, P365, P450, STAY48, STAY54 e STAY72, indicando um aumento nessas características. Correlações genéticas obtidas em análises tricaracterísticas para a P450 entre as diferentes STAYs e as características ponderais e de carcaça foram predominantemente de baixa magnitude. Correlações positivas e de baixa magnitude sugerem que a seleção indireta para P365, P450, AOL, EG e EGP8 pode impactar positivamente a P450. Os ganhos genéticos para P450 foram inferiores em comparação a seleção direta para essa característica, enquanto para as diferentes STAYs esses ganhos, apesar de baixos, foram positivos para P365 e EGP8, indicando possíveis avanços nas STAYs sob seleção para essas características. Os resultados apontam para a influência significativa de fatores ambientais nas baixas herdabilidades das STAYs e AOL, enquanto as de moderada magnitude indicam a presença substancial de componentes genéticos aditivos diretos, com as P210, P365 e P450, permitindo a viabilidade da seleção. Estas análises são fundamentais para orientar estratégias de seleção, visando melhorar a eficiência e produtividade dos bovinos Nelore, promovendo avanços significativos na indústria pecuária.

Palavras-chave: carcaça, Gibbs, gordura, longevidade, tricaracterística

**GENETIC EVALUATION OF WEIGHT TRAITS, CARCASS, AND
STAYABILITY IN NELORE CATTLE USING UNI AND MULTITRAIT ANALYSIS IN
A BAYESIAN FRAMEWORK**

ABSTRACT – The Nelore breed, which comprises 80% of the Brazilian cattle herd, stands out for its adaptation to the tropical climate. Its weight, carcass, and *stayability* traits play a crucial role, influencing not only economic performance but also the welfare and profitability of herds. This study aimed to genetically evaluate these traits using uni and multitrait analyses, with P450 as the "anchor" trait employing a Bayesian framework. The database, composed of information from 94,703 animals, included standardized weights at 210 (P210), 365 (P365), and 450 (P450) days, ribeye area (AOL), subcutaneous fat thickness at the loin (EG) and rump (EGP8), as well as *stayability* at 48 (STAY48), 54 (STAY54), and 72 (STAY72) months. Direct additive heritabilities obtained in univariate analyses ranged from low (0.11 to 0.18) for stayabilities to moderate (0.30 to 0.40) for weight traits. Positive genetic trends over the years were observed for EGP8, P365, P450, STAY48, STAY54, and STAY72, indicating an increase in these traits. Genetic correlations obtained in tri-trait analyses for P450 among the different stayabilities and weight and carcass traits were predominantly of low magnitude. Positive and low magnitude correlations suggest that indirect selection for P365, P450, AOL, EG, and EGP8 may positively impact P450. Genetic gains for P450 were lower compared to direct selection for this trait, while for the different stayabilities, these gains, although low, were positive for P365 and EGP8, indicating potential advances in stayabilities under selection for these traits. The results point to the significant influence of environmental factors on the low heritabilities of stayabilities and AOL, while those of moderate magnitude indicate the substantial presence of direct additive genetic components, with P210, P365, and P450, allowing for the viability of selection. These analyses are crucial for guiding selection strategies aimed at improving the efficiency and productivity of Nelore cattle, promoting significant advances in the livestock industry.

Keywords: carcass, Gibbs, fat, longevity, tri-trait

1. CAPÍTULO 1 – Considerações gerais

1.1 Introdução

O Brasil destaca-se como um dos países em progressivo desenvolvimento agrícola, sendo considerado, em 2022, o maior exportador de carne bovina do mundo (Dohlman *et al.*, 2022). De acordo com a Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de Carne (ABIEC, 2023), a população de bovinos em rebanhos comerciais é de aproximadamente 202 milhões de cabeças, representando cerca de 12,18% do rebanho mundial. A cadeia produtiva da pecuária de corte movimentou expressivos 1,02 trilhão de reais em 2023 (ABIEC, 2023). Nesse cenário, a raça Nelore assume um papel fundamental na pecuária de corte no Brasil, devido à sua notável capacidade de adaptação ao clima tropical e à elevada resistência a parasitas (Costa *et al.*, 2019).

Ao longo de mais de cinco décadas, os programas de melhoramento genético animal têm enfatizado a seleção da raça Nelore (Euclides Filho, 2009), baseando-se em características ponderais, como peso dos animais em diferentes idades padrão, por serem mensuradas mais facilmente pelos produtores, visando aumentar a velocidade de crescimento dos animais. A *stayability* (STAY) do rebanho, que exerce influência direta sobre o retorno econômico (Hamidi Hay e Roberts, 2017; Damiran *et al.*, 2018), contribuindo substancialmente para a redução dos gastos relacionados à produção de novilhas de reposição também é de suma importância para programas de melhoramento. Essa característica pode ser interpretada como um indicador do bem-estar animal, uma vez que altas taxas de descarte e mortalidade frequentemente apontam para condições inadequadas de bem-estar (Weigel *et al.*, 2003; Pritchard *et al.*, 2013; Alvåsen *et al.*, 2014; Knapp *et al.*, 2014; Alvåsen *et al.*, 2018), como manejo nutricional inadequado, manejo estressante e inapropriado, entre outros.

Outro aspecto crucial de ser analisado são as características de carcaça, como a área do olho de lombo (AOL), espessura da gordura subcutânea no lombo (EG) e espessura de gordura subcutânea na picanha (EGP8), localizadas entre a 12^a e 13^a costela acima do músculo *Longissimus dorsi* e no seu terço final (Suguisawa *et al.*, 2013; Pistillo *et al.*, 2022), mensuradas no lombo e na picanha, respectivamente, servem como indicativos do nível de musculosidade e acabamento da carcaça. Tais características são indicadores do ganho de peso e do rendimento de carcaça dos

animais, representando considerável relevância econômica, especialmente no que tange ao ganho de peso diário. Assim, aprimorar a STAY, características ponderais e de carcaça do rebanho de corte tende a contribuir para um aumento na lucratividade.

Nesse contexto, os parâmetros genéticos estimados para essas características, bem como as tendências genéticas, os ganhos genéticos e resposta correlacionada têm um impacto direto na formulação de estratégias para a seleção animal, tanto direta quanto indiretamente, e servem como alicerces fundamentais para as avaliações genéticas (Evangelista *et al.*, 2020). Concomitantemente, a abordagem Bayesiana emerge como uma ferramenta estatística de suma relevância para tais avaliações, capacitando não apenas a modelagem de características discretas por meio de equações de modelos mistos, como também se estendendo à análise de múltiplas características, abrangendo tanto as discretas quanto as contínuas (Costa *et al.*, 2020).

1.2 Objetivos

1.2.1 Objetivo geral

Estimar parâmetros genéticos para as características STAY48, STAY54, STAY72, P210, P365, P450, AOL, EG e EGP8 em bovinos Nelore utilizando análise uni e tricaracterística entre P450 e STAY48, STAY54, STAY72, P210, P365 AOL, EG e EGP8 em abordagem Bayesiana para fornecer uma compreensão abrangente das relações genéticas entre essas características.

1.2.2 Objetivos específicos

- I. Estimar os parâmetros genéticos e valores genéticos estimados (EBV) para STAY48, STAY54, STAY72, P210, P365, P450, AOL, EG e EGP8.
- II. Estimar as correlações genéticas entre P450 e STAY48, STAY54, STAY72, P210, P365 AOL, EG e EGP8;

- III. Estimar o ganho genético direto e indireto para as características, P450 e as diferentes STAYs, bem como a eficiência relativa de seleção e resposta correlacionada.

1.3 Revisão de Literatura

1.3.1 Bovinos Nelore

Estima-se que a domesticação dos *Bos indicus* tenha ocorrido há aproximadamente 8.000 anos no Vale do Indo, atual Paquistão, localizado no sul da Ásia (Pitt *et al.*, 2019; Utsunomiya *et al.*, 2019), e a disseminação do *Bos primigenius indicus*, comumente conhecido como bovinos Zebu, aconteceu em escala global, chegando às Américas e Oceania nos últimos 150 anos (Utsunomiya *et al.*, 2019). No entanto, devido às suas características genéticas e biológicas singulares, como a resistência a doenças, associadas à sua notável capacidade de resistência ao calor e a condições ambientais adversas comuns em regiões quentes, (Turner, 1980), as raças zebuínas se destacam como especialmente relevantes para os sistemas de produção tropicais, caracterizados por condições de alta temperatura e umidade, além da exposição a doenças e parasitas (Porto-Neto *et al.*, 2014).

Além disso, considera-se que os primeiros animais da raça Nelore desembarcaram no Brasil aproximadamente em 1868, e, de acordo com a Associação dos Criadores de Nelore do Brasil e o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (ACNB, 2018; IBGE, 2023), aproximadamente 80% do rebanho bovino de corte do país seja composto por animais Nelore. O Brasil possui o segundo maior rebanho bovino do mundo, com um total de 202 milhões de cabeças, representando aproximadamente 12,18% do rebanho mundial (ABIEC, 2023). A raça Nelore passou por um intenso processo de seleção no Brasil, com foco principal na produção de carne, visto que a pecuária bovina se destaca como uma das principais atividades econômicas do país, totalizando um consumo per capita de 36,73 kg por habitante em 2022, com uma movimentação econômica, entorno de 1,02 trilhão de reais (ABIEC, 2023).

Os animais Zebu se distinguem por características marcantes, como a proeminente corcova, o excesso de pele em regiões como pescoço, tórax (barbelas)

e umbigo, com ossatura leve, porém sólida, sustentando uma musculatura compacta e uniformemente distribuída (Utsunomiya *et al.*, 2019), com um estado de saúde robusto e vigoroso, e temperamentos dóceis e ativos. Os bovinos Nelore apresentam porte médio, ossatura fina, leve e porosa, com menor proporção de cabeça, patas e vísceras, o que resulta em melhor rendimento nos processos industriais (ACNB, 2018). Sua pelagem é curta, com maior diâmetro e densidade, distribuída de maneira uniforme e com uma coloração que pode variar entre branca e cinza clara; a pele é preta, fina, flexível, macia e oleosa, e sua pelagem contribui para uma eficiente troca de calor com o ambiente, o que os torna resistentes ao calor (Azevedo *et al.*, 2022).

A carcaça desses animais, destaca-se por atender bem aos padrões exigidos pelo mercado, com EG de no mínimo 3mm, correspondendo a um acabamento mediano/padrão (Gomes *et al.*, 2021). Além disso, a precocidade desses animais na fase de terminação garante que suas carcaças possuam distribuição homogênea da cobertura de gordura, altamente valorizada no mercado, com elevado sabor e baixo teor de gordura marmorizada (ACNB, 2018).

Portanto, a relevância das raças zebuínas, em especial os bovinos Nelore, transcende sua importância histórica na pecuária, estendendo-se às exigências contemporâneas dos sistemas de produção tropicais. A sua notável adaptação a ambientes desafiadores, aliada a características genéticas singulares, como carcaça de qualidade, longevidade produtiva, resistência a doenças e parasitas, carne saborosa e pouco gordurosa, destaca esses animais como excelentes colaboradores para a sustentabilidade e eficiência econômica da pecuária, particularmente no Brasil, onde constituem a maioria expressiva do rebanho bovino de corte. O intenso processo de seleção, focado na produção de carne e evidenciado pelo sucesso da raça Nelore e posiciona o Brasil como um líder global na produção bovina de corte.

1.3.2 Stayability

A característica de STAY desempenha um papel significativo na pecuária de corte e na cadeia produtiva, estando intrinsecamente ligada à lucratividade, uma vez que a redução dos custos operacionais é diretamente proporcional à presença de animais com maior longevidade e desempenho elevado, evitando o descarte precoce

de fêmeas e machos. Isso resulta em economias significativas, relacionadas à aquisição de novilhas de reposição e ao aumento do número de animais produtivos no rebanho, contribuindo para uma cadeia de produção pecuária mais eficiente (Jenko *et al.*, 2015; Garcia *et al.*, 2017; Damiran *et al.*, 2018; Stefani *et al.*, 2018).

A mensuração da *stayability* do animal pode ser definida como: 1) a capacidade de permanecer no rebanho até uma idade pré-determinada, por exemplo, até os 48 meses (4 anos), 54 meses (4,5 anos), 72 meses (6 anos), 76 meses (6,5 anos), até o parto ou até o desmame, considerando que ela tenha dado à luz pelo menos uma vez (Martinez *et al.*, 2005; Rocha *et al.*, 2018), a qual está diretamente associada ao custo anual de reposição de fêmeas (Formigoni *et al.*, 2005); 2) a duração da vida total, ou seja, quantidade de dias desde o nascimento do animal até sua morte (Stefani *et al.*, 2018); 3) a vida produtiva funcional, a qual abrange a quantidade de dias a partir do primeiro parto até morte do animal (Roughsedge *et al.*, 2005; Olechnowicz *et al.*, 2016; Zhang *et al.*, 2016); 4) a quantidade total de partições realizadas (BrzÁková *et al.*, 2018); 5) o intervalo de tempo entre partos consecutivos (Jamrozik *et al.*, 2013); 6) número de partos realizados até uma certa idade (Ramos *et al.*, 2019), entre outras. Assim, a STAY pode ser definida como a permanência das fêmeas no rebanho sem que ocorra diminuição do seu desempenho reprodutivo (Schmidt *et al.*, 2018), podendo ser apresentada de forma binária (0 ou 1), em que 1 representa a probabilidade de sucesso, caso o animal permaneça no rebanho, ou 0 como fracasso, indicando a não permanência do animal no período especificado (Silva *et al.*, 2003). A medida de permanência no rebanho mais utilizada considera como bem-sucedida a fêmea que teve três (ou mais) partos até 76 meses de idade (STAY76) e como fracasso aquelas que não obtiveram 3 ou mais partos (Schmidt *et al.*, 2018; Silva *et al.*, 2017). Contudo, essa característica só pode ser obtida tardiamente ou após a morte do animal (Lagrotta *et al.*, 2010).

Estudos tem mostrado que as estimativas de herdabilidades para a característica de permanência no rebanho baseada em partos consecutivos em bovinos e búfalos leiteiros, e em Nelores voltados para corte variaram de baixa a moderada magnitude (0,01 a 0,28) (Essl e Voith, 2002; Tsuruta *et al.*, 2005; Van Melis *et al.*, 2007; Guarini *et al.*, 2015; Schmidt *et al.*, 2018; Carvalho *et al.*, 2023). No entanto, Galeazzi *et al.* (2010) reportaram estimativas de herdabilidade que variaram

entre 0,11 e 0,23, para STAY (permanência do animal no rebanho entre um e seis anos após o parto). Para Nelore e Tabapuã, as estimativas de herdabilidade para STAY (capacidade das fêmeas de parir pelo menos 3 bezerras antes de atingirem 65 meses de idade), variaram de 0,03 a 0,08, respectivamente (Silva *et al.*, 2017). Além disso, obter registros fenotípicos em animais mais jovens acelera o progresso genético tanto para eficiência reprodutiva quanto para a longevidade da fêmea.

Portanto, a característica de STAY engloba, além da permanência do animal no rebanho, aspectos como saúde, eficiência reprodutiva, características físicas, sistema de produção e decisões dos produtores em relação ao abate (Carvalho *et al.*, 2023). Dessa forma, a seleção para a STAY pode desempenhar um papel crucial no aumento do progresso genético em outras características economicamente relevantes, aumentando o número de animais disponíveis para seleção (Oliveira *et al.*, 2020). Animais com maior longevidade possibilitam o descarte voluntário com base em critérios de produção, contribuindo para a redução do descarte involuntário, frequentemente ocasionado por problemas reprodutivos, mobilidade ou saúde do animal (Galeazzi *et al.*, 2010).

1.3.3 Características ponderais

As características ponderais referem-se à mensuração e avaliação do peso dos animais em diferentes estágios de suas vidas, como peso ao nascimento, à desmama, ao sobreano, com o objetivo de selecionar e aprimorar geneticamente características associadas ao crescimento e à produção de carne. O peso dos animais possui grande importância econômica na pecuária e nos programas de melhoramento genético de bovinos de corte, por estar intrinsecamente relacionado com a rentabilidade do produtor e idade ao abate, pois animais mais pesados, geralmente tem um valor de mercado mais alto e podem ser abatidos mais jovens reduzindo os custos de produção. Essas características têm sido amplamente empregadas como critério de seleção em diversos programas de melhoramento genético, em função da capacidade de resposta à seleção (Gunski *et al.*, 2001; Gonçalves *et al.*, 2011; Nieto *et al.*, 2013; Barbosa *et al.*, 2017; Evangelista *et al.*, 2020).

As idades padronizadas (120 (P120), 210 (P210), 365 (P365) e 450 (P450) dias), são características de fácil mensuração e baixo custo para obtenção das informações. Esses fatores de ajuste matemático dos pesos para idades pré-definidas visam melhorar as acurácias de seleção (Manuel *et al.*, 2019), pois padronizam a mensuração dessas características proporcionando uma comparação mais adequada entre os animais e reduzindo o viés introduzido por variações naturais na idade. O peso a desmama é um dos principais critérios de seleção para as características ponderais, uma vez que os esforços na produção, são geralmente intensificados na fase de cria, (Lindholm e Stonaker, 1957; Vesely e Robison, 1971), pois é durante essa fase que as decisões de seleção e manejo adequados influenciam as características genéticas dos animais impactando sua saúde e crescimento futuro.

Adicionalmente, o peso a desmama é influenciado por efeitos maternos, que abrangem qualquer influência da mãe sobre o fenótipo do bezerro, manifestando-se em diferenças no ganho de peso até a desmama, uma vez que a mãe transmite metade de seus genes para o bezerro (Muniz *et al.*, 2005; Perotto, 2008; Sarmiento *et al.*, 2011; Teodoro, 2023). A herdabilidade do peso corporal é um parâmetro importante para estimar a resposta da seleção e predizer o valor genético dos animais (Gunki *et al.*, 2001; Evangelista *et al.*, 2020), sendo moderadamente herdáveis. As estimativas de herdabilidade dos efeitos genéticos diretos do peso à desmama (120, 205, 210 dias) na raça Nelore tem variado de 0,17 a 0,32 (Pires *et al.*, 2016; Kamei *et al.*, 2017; Lopes *et al.*, 2017; Felipe *et al.*, 2021), enquanto as herdabilidades maternas variam de 0,02 a 0,18 (Oliveira *et al.*, 2017).

O peso ao sobreano (aos 365, 450, 550 dias) é a última fase em que é economicamente viável efetuar a pesagem do rebanho, pois é a característica que mais se aproxima do peso de abate e da maturidade, além de fornecer uma estimativa do potencial genético do animal por refletir a habilidade do indivíduo em ganhar peso durante o período pós-desmama, o que é crucial para seu desenvolvimento (Nieto *et al.*, 2013) e fornece uma visão mais abrangente da capacidade do animal de converter alimento em peso. As estimativas de herdabilidade direta para essa idade variam entre 0,21 e 0,61 (Yokoo *et al.*, 2007; Lopes *et al.*, 2017; Kamei *et al.*, 2017; Souza *et al.*, 2018; Felipe *et al.*, 2021).

Portando, as características ponderais desempenham um papel fundamental na seleção e aprimoramento genético de bovinos Nelore, constituindo elementos-chave para a maximização da eficiência produtiva na pecuária. A mensuração do peso ao longo de diferentes fases da vida dos animais revela-se crucial, não apenas pela sua significativa importância econômica, mas também pela resposta notável que apresentam aos programas de seleção.

1.3.4 Características de carcaça

A carcaça é outra característica produtiva de destaque na pecuária e é utilizada como indicador da composição máxima e mínima de carne e de osso, respectivamente, além das quantidades mínimas de gordura subcutânea e intramuscular que certificam a qualidade e palatabilidade dessa proteína animal para o consumidor final (Silva-Vignato *et al.*, 2017). Essas características têm especial interesse junto aos programas de melhoramento genético animal, pela facilidade que algumas delas apresentam por serem mensuradas visualmente através da ultrassonografia de carcaça, que são mensuradas no peso ao sobreano (Sugisawa *et al.*, 2013), e por sua considerável relevância econômica, dada a consideração das demandas provenientes do mercado consumidor (Gomes *et al.*, 2021).

A AOL, mensurada em centímetros quadrados (cm²) entre a 12^a e 13^a costela, é indicativa de ganho de peso, musculabilidade e rendimento de carcaça, sendo utilizada para avaliar o mérito da carcaça, uma vez que, indica a qualidade de carne e quantidade da porção comestível, além de apontar os rendimentos dos cortes de alto valor comercial e possuir de moderada a alta correlação com peso variando de 0,29 a 0,65 (Kluska *et al.*, 2018; Brunet *et al.*, 2022). Essa característica é vital na bovinocultura de corte, pois reflete a composição da carcaça e está relacionada com a musculabilidade (Prado *et al.*, 2004; Faria, 2015; Gomes *et al.*, 2021), pois é uma medida direta da quantidade de músculo presente na região do lombo, assim uma área maior geralmente indica maior massa muscular nessa parte específica do corpo do animal.

As estimativas médias para AOL em animais da raça Nelore em confinamento têm variado de 48,16 a 71,64 cm² (Alves *et al.*, 2010; Marques *et al.*, 2013; Bonin *et*

al., 2015; Faria *et al.*, 2015; Paula Junior *et al.*, 2015; Costa *et al.*, 2019; Silva e Bueno, 2020; Oliveira *et al.*, 2022; Quadros *et al.*, 2022). As estimativas de herdabilidade para essa característica relatadas na literatura foram de média a alta magnitude (0,25 a 0,66; Lima Neto *et al.*, 2009; Barbosa *et al.*, 2010; Zuin *et al.*, 2012; Caetano *et al.*, 2013; Marques *et al.*, 2013; Paula Junior *et al.*, 2015; Buzanskas *et al.*, 2017; Costa, 2019).

A gordura desempenha um papel substancial desacelerando o processo de resfriamento da carcaça, pois atua como isolante térmico (Bridi e Constantino, 2009; Gomes *et al.*, 2021), sendo crucial para a prevenção da desidratação, do escurecimento e da perda de maciez da carne. A fim de realizar uma escolha adequada de animais baseada em EG e EGP8 é necessário considerar que para a indústria o abate exige que a carcaça tenha de 3,0 a 6,0 mm de gordura de cobertura (EMBRAPA *et al.*, 2017). A acumulação de tecido adiposo ocorre predominantemente nos segmentos posterior e anterior, progredindo em direção à região da coluna vertebral (Berg e Butterfield, 1976). Ainda neste aspecto, em relação ao acabamento de carcaça o atributo de maior relevância é a espessura de gordura subcutânea medida na altura da 6^a, 9^a e 12^a costelas parte dorsal e ventral do músculo grande dorsal e serrátil dorsal caudal na região lombar e no coxão (EMBRAPA *et al.*, 2017). Definidas como ausência de gordura quando essa é inferior a 1 mm de espessura, escassez de 1 mm a 3 mm; mediana de 3 mm a 6 mm; uniforme 6 mm até 10 mm e a gordura excessiva apresentando valor superior a 10 mm de espessura na carcaça.

A mensuração da EG e a EGP8 refletem o grau de acabamento em termos de aprimoramento genético (Sugisawa *et al.*, 2013). A EG, é mensurada entre as 12^a e 13^a costelas, no terço final do músculo *Longissimus dorsi* (Gomes *et al.*, 2021; Pistillo *et al.*, 2022), é especialmente relevante na industrialização da carne, auxiliando no resfriamento necessário durante o processo industrial. A EGP8 é reconhecida como complementar à medição da EG, uma vez que exibe uma correlação genética de magnitude elevada (<0,70) com EG (Crews *et al.*, 2015; Marestone, 2017). Além disso, a EGP8 é recomendada para cenários em que animais apresentam uma deposição de gordura subcutânea prejudicada devido a condições nutricionais inadequadas, como é frequentemente observado em animais criados em sistemas de pastoreio extensivo (Sugisawa *et al.*, 2013).

Contudo, a ausência de gordura subcutânea acarreta uma elevada exsudação de água, resultando em perda de peso substancial e consequente escurecimento da carne no decorrer do processo de resfriamento (Meirelles et al, 2009; Pistillo *et al.*, 2022). Isso, por sua vez, conduz a uma redução do peso dos cortes comercialmente relevantes e à deterioração da qualidade da carne (Mourão *et al.*, 2007). Neste sentido, a EG e AOL podem demonstrar associações com o ganho de peso diário, o rendimento da carcaça, o grau de acabamento precoce, bem como com as propriedades organolépticas de sabor e suculência da carne Cartaxo *et al.* (2011).

Portanto, a análise minuciosa das características de carcaça na raça Nelore, não apenas reflete a composição e a qualidade da carcaça, mas também desempenha um papel crucial nos processos de seleção genética e no atendimento às demandas do mercado consumidor. A compreensão desses atributos permite direcionar esforços para o desenvolvimento de animais mais eficientes, tanto em termos de musculabilidade quanto de acabamento de carcaça. No entanto, a complexidade dessas características, muitas vezes dificultam sua mensuração e os custos envolvidos *pós-mortem* destacam a necessidade de avanços tecnológicos e metodológicos para impulsionar o aprimoramento genético, tornando necessário animais que atendam aos padrões de gordura desejados, equilibrando eficiência de produção e qualidade da carne, é essencial para o setor bovino, visando atender às exigências crescentes e diversificadas dos consumidores.

1.3.5 Modelos multicaracterística

A estimação de parâmetros genéticos, como componentes de variâncias, herdabilidade e correlações é crucial para auxiliar programas de melhoramento genético adequados em um rebanho específico (Falconer e Mackay, 1996; Evangelista *et al.*, 2020). Neste sentido, as análises unicaracterísticas surgem como ferramentas relevantes, permitindo a estimação da herdabilidade, um parâmetro populacional fundamental para os programas de seleção (Evangelista *et al.*, 2020). A herdabilidade, varia de zero a um, e indica quanto o componente genético reflete o fenótipo do animal influenciando a resposta à seleção.

Adicionalmente, modelos multicaracterísticos possibilita a estimativa de componentes de (co)variância entre diferentes características ao mesmo tempo, o que nos permite obter estimativas de correlações entre essas características, e assim analisar o comportamento delas quando utilizadas conjuntamente (Pedrosa *et al.*, 2014; Schaeffer *et al.*, 2019). Ao analisar essas características de forma conjunta, é possível aprimorar a predição das estimativas para todas elas, bem como o ganho genético, pois correlacionando características de baixa herdabilidade com outra que apresenta alta estimativa de herdabilidade fornece incremento nas análises (Barros *et al.*, 2016).

Esses modelos, amplamente utilizados no melhoramento genético animal, trata cada medida do animal como uma característica distinta, fornecendo informações sobre as relações entre elas (Boligon *et al.*, 2009; Oliveira *et al.*, 2015). A análise das correlações entre as características de interesse, possibilita a seleção de características economicamente importantes, e que possuem herdabilidade mais baixa, por meio da seleção correlacionada. Os valores genéticos para características com baixa herdabilidade ganham mais precisão do que os valores genéticos para características com alta herdabilidade. Esse modelo é uma alternativa para que as informações de uma determinada característica sejam abordadas na ponderação de outra característica, permitindo o aumento da acurácia. Essa elevação da acurácia é possível em circunstâncias em que a diferença entre correlações genéticas e residuais é extensa ou quando as características apresentam herdabilidades com valores muito distintos (Silva *et al.*, 2008).

A abordagem Bayesiana para estimar parâmetros genéticos é considerada uma alternativa válida, incorporando incerteza e conhecimento prévio na obtenção de valores genéticos (Robles Colonia, 2020). Essa metodologia, fundamentada na distribuição síncrona *a posteriori* de todos os parâmetros, trata-os como variáveis aleatórias, proporcionando intervalos apropriados para suas estimativas (Gianola e Fernando, 1986; Robles Colonia, 2020). O uso dessa abordagem, com seu foco no modelo linear hierárquico em estágios múltiplos, permite a estimação simultânea dos parâmetros por meio de iterações sucessivas (Gelman *et al.*, 2013).

Dessa forma, a estimação de parâmetros genéticos é essencial para direcionar estratégias de seleção em rebanhos bovinos, proporcionando *insights* valiosos para o melhoramento genético animal. Além de auxiliarem produtores e profissionais em suas tomadas de decisões, resultando em avanços significativos na qualidade e eficiência dos rebanhos.

1.4 Referências bibliográficas

ABIEC. Beef REPORT – 2023 (2023). In: Associação das Indústrias Exportadoras de Carne. Disponível em: <<https://www.abiec.com.br/publicacoes/beef-report-2023>>. Acesso em: 01 nov. 2023.

ACNB. Associação dos Criadores de Nelore do Brasil. (2018). Disponível em: <<http://www.Nelore.org.br/>>. Acesso em: 14 out. 2023.

Alvåsen, K., Dohoo, I., Roth, A., & Emanuelson, U. (2018). Farm characteristics and management routines related to cow longevity: a survey among Swedish dairy farmers. **Acta Veterinaria Scandinavica** **60**, 38 doi.org/10.1186/s13028-018-0390-8. Disponível em: <https://actavetscand.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13028-018-0390-8>.

Alvåsen, K., Roth, A., Mörk, M. J., Sandgren, C. H., Thomsen, P. T., & Emanuelson, U. (2014) Farm characteristics related to on-farm cow mortality in dairy herds: a questionnaire study. **Animal**. 2014. <https://doi.org/10.1017/S1751731114001633>.

Azevedo, G. N., do Nascimento Barreto, A., Jacintho, M. A. C., & Garcia, A. R. (2022). Conteúdo melânico do pelame de bovinos Nelore mantidos em pastagens não arborizadas: associações com idade e concentração sérica de testosterona. In: 31 ° Congresso Brasileiro de Zootecnia Manaus, AM. **Resumos...** Manaus:[s. l.], p. 1–3, 2022.

Barbosa, A. C. B., Carneiro, P.L.S., Rezende, M.P.G., Ramos, I.O., Martins Filho, R., Malhado, C.H.M. (2017) Parâmetros genéticos para características de crescimento e reprodutivas em bovinos Nelore no Brasil. **Archivos de zootecnia**, v. 66, n. 255, p. 449-452.

Barbosa, V., Magnabosco, C.U., Trovo, J.B.F., Faria, C.U., Lopes, D.T., Viu, M.A.O., Lobo, R.B, Mamede, M.M.S. (2010) Estudo genético quantitativo de características

de carcaça e perímetro escrotal, utilizando inferência bayesiana em novilhos nelore. **Bioscience Journal**, [s. l.], v. 26, n. 5, p. 789–797.

Barros, C. Da C.; Aspilcueta-Borquis, R. R.; Fraga, A. B.; Tonhati, H. (2016) Estimativas de parâmetros genéticos para características de produção e reprodução em búfalos leiteiros. **Revista Caatinga**, [s. l.], v. 29, n. 1, p. 216–221.

Berg, R. T., & Butterfield, R. M. (1976). **New concepts of cattle growth**. Sydney University Press, University of Sydney.

Boligon, A. A., Mercadante, M.E.Z., Baldi, F., Loboel, R.B., Albuquerque, L.G. (2009) Estimativas de herdabilidade de peso adulto e de valor genético de regressão múltipla e de regressão aleatória em bovinos Nelore. **South African Journal of Animal Science**, v. 39, n. 1, p. 145-148.

Bridi, A. M; Constantino, C. (2009) Qualidade e Avaliação de carcaças e carnes bovinas. Departamento de Zootecnia da Universidade Estadual de Londrina. Disponível em: <https://portal.uel.br/home/>. Acesso em: 15 de jul. de 2018.

Brunes, L. C. *et al.* Early Growth, Backfat Thickness And Body Condition Has Major Effect On Early Heifer Pregnancy In Nellore Cattle. **Anais Da Academia Brasileira De Ciencias**, [S. L.], V. 94, N. 1, P. 1–18, 2022.

Brzáková, M., Svitáková, A., Cítek, J., Veselá, Z., Vostrý, L. (2018) Genetic parameters of longevity for improving profitability of beef cattle. **Journal of animal science**, v. 97, n. 1, p. 19-28.

Buzanskas, M. E., Pires, P.S., Chud, T.C.S., Bernardes, P.A., Rola, L.D., Savegnago, R.P., Lôbo, R.B., Munari, D.P. (2017) Parameter estimates for reproductive and carcass traits in Nelore beef cattle. **Theriogenology**, [s. l.], v. 92, p. 204–209. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.theriogenology.2016.09.057>.

Caetano, S. L.; Savegnago, R. P.; Boligon, A. A.; Ramos, S. B.; Chud, T. C. S.; Lôbo, R. B.; Munari, D. P. (2013) Estimates of genetic parameters for carcass, growth and reproductive traits in Nellore cattle. **Livestock Science**, [s. l.], v. 155, n. 1, p. 1–7. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.livsci.2013.04.004>.

Cartaxo, F. Q.; De Sousa, W. H.; Cezar, M. F.; Costa, R. G.; Cunha, M. Das G. G.; Neto, S. G. (2011) Características de carcaça determinadas por ultrassonografia em tempo real e pós-abate de cordeiros terminados em confinamento com diferentes níveis de energia na dieta. **Revista Brasileira de Zootecnia**, [s. l.], v. 40, n. 1, p. 160–167.

Carvalho, I. S. D., Lázaro, S. F., Stefani, G., Silva, A. A., Silveira, K. R. D., Scalez, D. C. B., & Tonhati, H. (2023). Genetic parameters and association between longevity and milk production in buffaloes using the ssGBLUP method. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 52, e20220143.

Costa, E. V., Ventura, H.T., Veroneze, R., Silva, F.F., Pereira, M.A.,Lopes, P.S. (2019) Bayesian linear-threshold censored models for genetic evaluation of age at first calving and *stayability* in Nelore cattle. **Livestock Science**, [s. l.], v. 230, n. October, p. 103833.

Crews, D.; Dikeman, M.; Northcutt, S.L.; Garrick, D.; Marston, T.T; Macneil, M.; Olson, L.W.; Paschal, J.C.; Rouse, G.; Weaber, B.; Wheeler, T.; Shackelford, S.; Williams, R.E.; Wilson, D.E. (2015) Animal Evaluation. In: **Guidelines for Uniform Beef Improvement Programs**. 9^o ed. Cundiff, L.V.; Van Vleck, L.D.; Hohenboken, W.D. NMREC Prairie Research Unit, Prairie, MS, p. 16-56.

Damiran, D., Larson, K., Pearce, L., Erickson, N., Lardner, H.A. (2018) Effects Of Heifer Calving Date On Longevity And Lifetime Productivity In Western Canada. **Sustainable Agriculture Research**, [S. L.], V. 7, N. 4, P. 11.

Dohlman, E., Hansen, J., & Boussios, D. (2022). **USDA Agricultural Projections to 2031** (No. 1962-2022-1414).

Essl, A.; Voith, K. (2002) Genomic imprinting effects on dairy- and fitness-related traits in cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, [s. l.], v. 119, n. 3, p. 182–189.

Euclides Filho, K. (2009) Evolução do melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil. **Revista Ceres**, v. 56, n. 5, p. 620-626.

Evangelista, A. F., Cavalcante, D. H., Malhado, C. H. M., Campelo, J. E. G., Carvalho, G., & SOUSA JÚNIOR, S. C. (2020). Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos Nelore Mocho da Região Norte do Brasil. **Livestock Research For Rural Development**,[SL], 32(10).

Falconer, D. S., Mackay, T.F.C. (1996) **Introduction to quantitative genetics**. Pearson Education India.

Faria, C. U.; De Andrade, W. B. F.; De Pereira, C. F.; Da Silva, R. P.; Lôbo, R. B. (2015) Análise bayesiana para características de carcaça avaliadas por ultrassonografia de bovinos da raça Nelore Mocho, criados em bioma Cerrado. **Ciencia Rural**, [s. l.], v. 45, n. 2, p. 317–322.

Felipe, E. F., da Silva, N. A. M., & de Moraes, G. F. (2021). Meta-análise para estimativas de herdabilidade de características ponderais em bovinos da raça nelore. **Brazilian Journal of Development**, 7(6), 59365-59379.

Formigoni, I. B., Ferraz, J.B.S., Silva, J.A.II.V., Eler, J.P., Brumatti, R.C. (2005) Valores econômicos para habilidade de permanência e probabilidade de prenhez aos 14 meses em bovinos de corte. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, [s. l.], v. 57, n. suppl 2, p. 220–226.

Galeazzi, P. M., Mercadante, M.E.Z., Silva, J.A.II.V., Aspiculeta-Borquis, R.R., Camargo, G.M.F., Tonhati, H. (2010) Genetic parameters for *stayability* in Murrah buffaloes. **Journal of Dairy Research**, [s. l.], v. 77, n. 2, p. 252–256.

Garcia, D. A., Rosa, G.J.M., Valente, B.D., Carvalheiro, R., Fernandes Júnior, G.A., Albuquerque, L.G. Evaluation of longevity modeling censored records in Nelore. **Animal**, [s. l.], v. 11, n. 12, p. 2113–2119, 2017. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1017/S1751731117001136>.

Gelman, A., & Shalizi, C. R. (2013). Philosophy and the practice of Bayesian statistics. **British Journal of Mathematical and Statistical Psychology**, 66(1), 8-38.

Gianola, D.; Fernando, R. L. (1986) Bayesian Methods in a N I M a L Breeding Theory. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, [s. l.], v. 63, p. 217–244.

Gomes, M. D. N. B., Feijó, G. L. D., Duarte, M. T., Silva, L. G. P. D., Surita, L. M. A., & Pereira, M. W. F. (2021). **Manual de avaliação de carcaças bovinas**. Disponível em: <https://repositorio.ufms.br/handle/123456789/3865>

Gonçalves, F. M.; Pires, A. V.; Pereira, I. G.; Garcia, D. A.; Farah, M. M.; Meira, C. T.; Cruz, V. A. R. (2011) Avaliação genética para peso corporal em um rebanho Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, [s. l.], v. 63, n. 1, p. 158–164.

Guarini, A. R.; Neves, H. H. R.; Schenkel, F. S.; Carvalheiro, R.; Oliveira, J. A.; Queiroz, S. A. (2015) Genetic relationship among reproductive traits in Nelore cattle. **Animal**, [s. l.], v. 9, n. 5, p. 760–765. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1017/S1751731114003103>.

Gunski R. J., Garnero A. V., Borjas A. R., Bezerra L. A. F., Lôbo R. B. (2001) Estimativas de parâmetros genéticos para características incluídas em critérios de seleção em bovinos Nelore. **Ciência Rural** 31:603-607.

Hamidi Hay, E.; Roberts, A. (2017) Genomic prediction and genome-wide association analysis of female longevity in a composite beef cattle breed. **Journal of animal science**, v. 95, n. 4, p. 1467-1471.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (2023) **Produção Agropecuária – Rebanho de bovinos**. IBGE. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/bovinos/br>. Acesso em: 01 nov. 2023.

Jamrozik, J., McGrath, S., Kemp, R. A., & Miller, S. P. (2013). Estimates of genetic parameters for *stayability* to consecutive calvings of Canadian Simmentals by random regression models. **Journal of Animal Science**, 91(8), 3634-3643.

Jenko, J., Perpar, T., & Kovač, M. (2015). Genetic relationship between the lifetime milk production, longevity and first lactation milk yield in Slovenian Brown cattle breed. **Mljekarstvo: časopis za unaprjeđenje proizvodnje i prerade mlijeka**, 65(2), 111-120.

Kamei, L. M., de Azambuja Ribeiro, E. L., Fonseca, N. A. N., Muniz, C. A. D. S. D., Camiloti, T. V., Koritiaki, N. A., & de Souza Fortaleza, A. P. (2017). Genetic parameters of growth traits in Nelore cattle. **Semina: Ciências Agrárias**, 38(3), 1503-1509.

Knapp, J. R., Laur, G. L., Vadas, P. A., Weiss, W. P., & Tricarico, J. M. (2014). Invited review: Enteric methane in dairy cattle production: Quantifying the opportunities and impact of reducing emissions. **Journal of dairy science**, 97(6), 3231-3261.

Kluska, S., Olivieri, B. F., Bonamy, M., Chiaia, H. L. J., Feitosa, F. L. B., Berton, M. P., ... & Baldi, F. (2018). Estimates of genetic parameters for growth, reproductive, and carcass traits in Nelore cattle using the single step genomic BLUP procedure. **Livestock Science**, 216, 203-209.

Lagrotta, M. R., Euclides, R. F., Verneque, R. D. S., Santana Júnior, M. L., Pereira, R. J., & Torres, R. D. A. (2010). Relação entre características morfológicas e produção de leite em vacas da raça Gir. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 45, 423-429.

Lima Neto, H. R., Bergmann, J. A. G., Gonçalves, T. D. M., Araújo, F. R. D. C., Bezerra, L. A. F., Saiz, R. D., ... & Silva, M. A. (2009). Parâmetros genéticos para características de carcaça avaliadas por ultrassonografia em bovinos da raça Guzerá. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, 61, 251-258.

Lindholm, H. B., & Stonaker, H. H. (1957). Economic importance of traits and selection indexes for beef cattle. **Journal of Animal Science**, 16(4), 998-1006.

Lopes, F. B.; Ferreira, J. L.; Lobo, R. B.; Rosa, G. J. M. (2017) Bayesian analyses of genetic parameters for growth traits in Nelore cattle raised on pasture. **Genetics and Molecular Research**, [s. l.], v. 16, n. 3.

Manuel, M., Cavani, L., Menezes, T. J., Millen, D. D., Andrighetto, C., Lupatini, G. C., & Fonseca, R. (2019). Estimação de parâmetros genéticos para características de pesos e pesos metabólicos na desmama e pós-desmama em bovinos Brahman. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, 71, 274-280.

Marestone, B. S. (2017). **Indicadores de musculabilidade derivados da área de olho de lombo e suas associações com características de carcaça de bovinos Nelore**. 48 f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul.

Marques, E. G., Magnabosco, C. U., Lopes, F. B., & Silva, M. C. (2013). Estimativas de parâmetros genéticos de características de crescimento, carcaça e perímetro escrotal de animais da raça Nelore avaliados em provas de ganho em peso em confinamento. **Biosci. j.(Online)**, 159-167.

Martinez, G. E., Koch, R. M., Cundiff, L. V., Gregory, K. E., Kachman, S. D., & Van Vleck, L. D. (2005). Genetic parameters for *stayability*, *stayability* at calving, and *stayability* at weaning to specified ages for Hereford cows. **Journal of animal science**, 83(9), 2033-2042.

Meirelles, S. L., Espasandin, A. C., Mattar, M., & Queiroz, S. A. D. (2009). Genetic and environmental effects on sexual precocity traits in Nelore cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 38, 1488-1493.

Mourão, G. B., Ferraz, J. B. S., Eler, J. P., Balieiro, J. C. D. C., Bueno, R. S., Mattos, E. C., & Figueiredo, L. G. G. (2007). Genetic parameters for growth traits of a Brazilian *Bos taurus* x *Bos indicus* beef composite. **Genetics and Molecular Research**, 6(4), 1190-1200.

Muniz, C. A. D. S. D., Carvalheiro, R., Fries, L. A., & Queiroz, S. A. D. (2005). Dois critérios de seleção na pré-desmama em bovinos da raça Gir. 1. Estimativas de parâmetros genéticos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 34, 807-815.

Nieto, L. M.; Alencar, M. D; Rosa, A. D. N. (2013) Critérios de seleção. **Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus**. Brasília: Embrapa, p. 109-122, 2013.

Olechnowicz, J., Kneblewski, P., Jaśkowski, J. M., & Włodarek, J. (2016). Effect of selected factors on longevity in cattle: a review. **JAPS: Journal of Animal & Plant Sciences**, 26(6).

Oliveira, A. P. D., Malhado, C. H. M., Barbosa, L. T., Martins Filho, R., & Carneiro, P. L. S. (2015). Inferência bayesiana na avaliação genética de bovinos da raça tabapuã do nordeste brasileiro. **Revista Caatinga**, 28, 227-234.

Oliveira, H. R. (2015) **Combining different functions to describe milk, fat and protein yield in goats using bayesian multiple- trait random regression models**. 2015. 52 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

Oliveira, H. R., Ventura, H. T., Costa, E. V., Pereira, M. A., Veroneze, R., de Souza Duarte, M., & e Silva, F. F. (2017). Meta-analysis of genetic-parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits in Nellore cattle by using a random-effects model. **Animal Production Science**, 58(9), 1575-1583.

Oliveira, H. R., Brito, L. F., Miller, S. P., & Schenkel, F. S. (2020). Using random regression models to genetically evaluate functional longevity traits in North American Angus cattle. **Animals**, 10(12), 2410.

Paula Junior, E. H., Martins, E. N., De Oliveira, C. A. L., Magnabosco, C. D. U., Sainz, R. D., Geron, L. J. V., ... & Miguel, G. Z. (2015). Associations Between Reproductive And Carcass Traits In Nellore. **Semina: Ciências Agrárias (Londrina)**, 36(6 Suppl. 2), 4423-4434.

Pedrosa, V. B., Eler, J. P., Ferraz, J. B. S., & Pinto, L. F. B. (2014). Utilização de modelos unicaracterística e multicaracterística na estimação de parâmetros genéticos na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, 66, 1802-1812.

Perotto, D. Habilidade materna em bovinos de corte. In: Congresso Brasileiro das Raças Zebuínas. **Anais... Associação Brasileira dos Criadores de Zebu**. Uberaba, MG. 2008. p. 81-101.

Pires, B. C., Tholon, P., Buzanskas, M. E., Sbardella, A. P., Rosa, J. O., da Silva, L. O. C., ... & de Alencar, M. M. (2016). Genetic analyses on bodyweight, reproductive, and carcass traits in composite beef cattle. **Animal Production Science**, 57(3), 415-421.

Pistillo, L. Z., Camargo, A. C., & Souza, L. (2022). Correlação e regressão entre mensurações corporais e características de carcaça em bovinos da raça Nelore. **Diversitas Journal**, 7(1), 0026-0038. Acesso em: 13 mar. 2023.

Pitt, D., Sevane, N., Nicolazzi, E. L., MacHugh, D. E., Park, S. D., Colli, L., ... & Orozco-Wengel, P. (2019). Domestication of cattle: Two or three events?. **Evolutionary applications**, 12(1), 123-136.

Porto-Neto, L. R., Reverter, A., Prayaga, K. C., Chan, E. K., Johnston, D. J., Hawken, R. J., ... & Barendse, W. (2014). The genetic architecture of climatic adaptation of tropical cattle. **Plos one**, 9(11), e113284.

Prado, C. S., Pádua, J. T., Corrêa, M. P. C., Ferraz, J. B. S., & de Resende, L. S. (2004). Comparação de diferentes métodos de avaliação da área de olho de lombo e cobertura de gordura em bovinos de corte. **Ciência Animal Brasileira**, 5(3), 141-148.

Pritchard, T., Coffey, M., Mrode, R., & Wall, E. (2013). Understanding the genetics of survival in dairy cows. **Journal of dairy science**, V. 96, Issue 5, 2013, p.3296-3309, ISSN 0022-0302. DOI: doi.org/10.3168/jds.2012-6219. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S002203021300177X>.

Quadros, S. A. F., Martins, E., & Veiga, T. F. (2022). Características de carcaça e rendimento de cortes comerciais de novilhos das raças Crioula Lageana e Nelore sob condições do planalto catarinense. **Brazilian Journal of Animal and Environmental Research**, 5(2), 1686-1704.

Ramos, P. V. B., e Silva, F. F., da Silva, L. O. C., Santiago, G. G., Menezes, G. R. D. O., Soriano Viana, J. M., ... & Brito, L. F. (2019). Genomic evaluation for novel *stayability* traits in Nelore cattle. **Reproduction in Domestic Animals**, 55(3), 266-273.

Robles Colonia, S. R. (2020). **Explorando a variação genética de características contínuas e binárias de bovinos leiteiros sob abordagem Bayesiana**. 87 f. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria) - Universidade Federal de Alfenas, Alfenas, MG.

Rocha, G. M., Cobuci, J. A., Costa, C. N., Abreu, L. R., Mota, L. F., Pires, A. V., ... & Martins, P. G. (2017). Genetic association between *stayability*, and productive and reproductive traits in Holstein cows. **Animal Production Science**, 58(10), 1788-1793.

Roughsedge, T., Amer, P. R., Thompson, R., & Simm, G. (2005). Genetic parameters for a maternal breeding goal in beef production. **Journal of Animal Science**, 83(10), 2319-2329.

Sarmiento, J. L. R., de Almeida Torres, R., De Sousa, W. H., Lôbo, R. N. B., De Sousa, J. E. R., & Neto, A. C. (2011). Efeito materno sobre a curva de crescimento de ovinos Santa Inês por meio de modelos de regressão aleatória. **Comunicata Scientiae**, 2(2), 113-121.

Schaeffer, L. R. (2019). **Animal models**. Volumes Direct.

Schmidt, P. I., Campos, G. S., Lôbo, R. B., Souza, F. R. P., Brauner, C. C., & Boligon, A. A. (2018). Genetic analysis of age at first calving, accumulated productivity, *stayability* and mature weight of Nelore females. **Theriogenology**, 108, 81-87.

Silva II, J. I. V., Eler, J. P., Ferraz, J. B. S., Golden, B. L., & Oliveira, H. N. D. (2003). Heritability estimate for *stayability* in Nelore cows. **Livestock Production Science**, 79(1), 97-101.

Silva, A. L.; Bueno, R. (2020) Atributos da carne de bovinos da raça nelore e cruzados. **Tekhne e Logos**, v. 11, n. 1, p. 1-14

Silva, D. O., Santana, M. L., Ayres, D. R., Menezes, G. R. O., Silva, L. O. C., Nobre, P. R. C., & Pereira, R. J. (2018). Genetic parameters for *stayability* to consecutive calvings in Zebu cattle. **Animal**, 12(9), 1807-1814.

SILVA, M. de A. E. **Modelos lineares aplicados ao melhoramento genético animal / Martinho de Almeida e Silva**. Edição. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2008, p. 375: il. ISBN 978-85-87144-31-7.

Silva-Vignato, B., Coutinho, L. L., Cesar, A. S., Poleti, M. D., Regitano, L. C., & Balieiro, J. C. (2017). Comparative muscle transcriptome associated with carcass traits of Nelore cattle. **BMC genomics**, 18, 1-13.

Souza, J. C. D., Fonseca, F. J. P. D., Silva, L. O. C. D., Arruda, R. M. D. S. D., Gondo, A., & Freitas, J. A. D. (2018). Parâmetros e tendências genéticas para características produtivas de bovinos da raça nelore. **Ciência Animal Brasileira**, 19.

Stefani, G., El Faro, L., Júnior, M. L. S., & Tonhati, H. (2018). Association of longevity with type traits, milk yield and udder health in Holstein cows. **Livestock Science**, 218, 1-7.

Suguisawa, L., Matos, B. C., & Suguisawa, J. M. (2013). Uso da ultrassonografia na avaliação de características de carcaça e de qualidade da carne. *Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus-Embrapa*. Rosa, AN, 97-107.

Teodoro, M. J. (2023) **Parâmetros genéticos e identificação de regiões regulatórias para características ponderais em bovinos Nelore**. 75 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Unesp, Jaboticabal.

Tsuruta, S., Misztal, I., & Lawlor, T. J. (2005). Changing definition of productive life in US Holsteins: Effect on genetic correlations. *Journal of dairy science*, 88(3), 1156-1165.

Turner, J. W. (1980) Aspectos genéticos e biológicos da adaptabilidade do Zebu. *Revista de Ciência Animal*, v. 6, pág. 1201-1205.

Utsunomiya, Y. T., Milanesi, M., Fortes, M. R. S., Porto-Neto, L. R., Utsunomiya, A. T. H., Silva, M. V. G. B., ... & Ajmone-Marsan, P. (2019). Genomic clues of the evolutionary history of *Bos indicus* cattle. *Animal genetics*, 50(6), 557-568.

Van Melis, M. H., Eler, J. P., Oliveira, H. N., Rosa, G. J. M., Silva, J. A. V., Ferraz, J. B. S., & Pereira, E. (2007). Study of *stayability* in Nelore cows using a threshold model. *Journal of Animal Science*, 85(7), 1780-1786.

Vesely, J.; Robison, O. W. (1971) Efeitos genéticos e maternos no crescimento pré-desmame e pontuação de tipo em bezerros de corte. *Revista de ciência animal*, v. 32, n. 5, pág. 825-831, 1971.

Weigel, K. A., Palmer, R. W., & Caraviello, D. Z. (2003). Investigation of factors affecting voluntary and involuntary culling in expanding dairy herds in Wisconsin using survival analysis. *Journal of dairy science*, 86(4), 1482-1486.

Yokoo, M.J.I., Albuquerque, L.G., Lôbo, R.B., Sainz, R.D., Júnior, J.M.C., Bezerra, L.A.F., Araujo, R.C. Estimativas De Parâmetros Genéticos Para Altura Do Posterior, Peso E Circunferência Escrotal Em Bovinos Da Raça Nelore. *Revista Brasileira De Zootecnia*, [S. L.], V. 36, N. 6, P. 1761–1768, 2007.

Zhang, Q., Guldbbrandtsen, B., Thomasen, J. R., Lund, M. S., & Sahana, G. (2016). Genome-wide association study for longevity with whole-genome sequencing in 3 cattle breeds. *Journal of Dairy Science*, 99(9), 7289-7298.

Zuin, R. G., Buzanskas, M. E., Caetano, S. L., Venturini, G. C., Guidolin, D. G. F., Grossi, D. A., ... & Munari, D. P. (2012). Genetic analysis on growth and carcass traits in Nelore cattle. **Meat Science**, 91(3), 352-357.

2. CAPÍTULO 2 – Estimação dos parâmetros e tendências genéticas para características ponderais, de carcaça e diferentes *stayability* em bovinos Nelore utilizando análise unicaracterística

Resumo - O Brasil detém o segundo maior rebanho bovino global, contribuindo com 12,18% da produção mundial de carne bovina. A raça Nelore destaca-se como uma das principais produtoras de carne, com ênfase em peso corporal, características de carcaça e *stayability* (STAY), influenciando lucratividade e progresso genético. Este estudo visou analisar e estimar os componentes de (co)variância para características ponderais, peso aos 210 (P210), 365 (P365) e 450 (P450) dias, carcaça, área do olho de lombo (AOL), espessura da gordura subcutânea no lombo (EG) e na picanha (EGP8), além de *stayability* aos 48 (STAY48), 54 (STAY54) e 72 (STAY72) meses em bovinos Nelore por meio de análises unicaracterísticas com abordagem Bayesiana. O banco de dados incluiu fêmeas da raça Nelore com pedigree de 94.703 animais. Os resultados revelaram diversidade nas estimativas de herdabilidade para AOL, EG, EGP8, P210, P365, P450, STAY48, STAY54 e STAY72, $0,14\pm 0,03$, $0,20\pm 0,03$, $0,43\pm 0,03$, $0,30\pm 0,04$, $0,37\pm 0,03$, $0,40\pm 0,02$, $0,38\pm 0,02$, $0,11\pm 0,02$, $0,12\pm 0,02$ e $0,18\pm 0,02$, respectivamente. Destacando herdabilidades moderadas (EG, EGP8, P120, P210, P365 e P450), indicando predominância de variações devidas a efeitos genéticos aditivos, enquanto herdabilidades mais baixas (AOL, STAY48, STAY54 e STAY72) sugerem que essas variações são predominantemente influenciadas por fatores ambientais. As tendências genéticas positivas para P210, P365, P450, STAY54 e STAY72, iguais a 0,29 kg/ano, 0,33 kg/ano, 0,41 kg/ano, 0,0024 meses/ano e 0,0064 meses/ano, respectivamente, indicam progresso nessas características ao longo dos anos analisados. Para AOL a tendência genética foi significativa, mas negativa ($-0,01$ cm²/ano). Para EG, EGP8 e STAY48 as tendências genéticas não foram significativas ($P>0,05$) e iguais a 0,002 mm/ano, 0,0025 mm/ano e 0,00004 meses/ano, respectivamente. Esses resultados sugerem a eficácia da seleção aplicada nas características com tendências positivas, destacando a importância desses parâmetros para orientar estratégias na produção pecuária, visando aprimorar essas características de relevância econômica no rebanho.

Palavras-chave: bovinos de corte, crescimento, herdabilidade, indústria, pecuária

Parameters estimation and genetic trends for ponderal, carcass, and different *stayability* traits in Nelore cattle through single-trait analysis.

Abstract - Abstract - Brazil holds the second-largest global cattle herd, contributing 12.18% to the world's beef production. The Nelore breed stands out as one of the main beef producers, with emphasis on body weight, carcass traits, and *stayability* (STAY), influencing profitability and genetic progress. This study aimed to analyze and estimate the (co)variance components for weight traits, weight at 210 (P210), 365 (P365), and 450 (P450) days, carcass traits, ribeye area (AOL), subcutaneous fat thickness at the loin (EG) and rump (EGP8), as well as *stayability* at 48 (STAY48), 54 (STAY54), and 72 (STAY72) months in Nelore cattle through univariate analyses with a Bayesian framework. The database included Nelore females with a pedigree of 94,703 animals. The results revealed diversity in the heritability estimates for AOL, EG, EGP8, P210, P365, P450, STAY48, STAY54, and STAY72, 0.14 ± 0.03 , 0.20 ± 0.03 , 0.43 ± 0.03 , 0.30 ± 0.04 , 0.37 ± 0.03 , 0.40 ± 0.02 , 0.38 ± 0.02 , 0.11 ± 0.02 , 0.12 ± 0.02 , and 0.18 ± 0.02 , respectively. Highlighting moderate heritabilities (EG, EGP8, P120, P210, P365, and P450), indicating predominance of variations due to additive genetic effects, while lower heritabilities (AOL, STAY48, STAY54, and STAY72) suggest that these variations are predominantly influenced by environmental factors. Positive genetic trends for P210, P365, P450, STAY54, and STAY72, equal to 0.29 kg/year, 0.33 kg/year, 0.41 kg/year, 0.0024 months/year, and 0.0064 months/year, respectively, indicate progress in these traits over the analyzed years. For AOL, the genetic trend was significant but negative (-0.01 cm²/year). For EG, EGP8, and STAY48, genetic trends were not significant ($P>0.05$) and equal to 0.002 mm/year, 0.0025 mm/year, and 0.00004 months/year, respectively. These results suggest the effectiveness of selection applied to traits with positive trends, highlighting the importance of these parameters in guiding strategies in livestock production, aiming to improve these economically relevant traits in the herd.

Keywords: beef cattle, growth, heritability, industry, livestock

2.1 Introdução

A pecuária de corte desempenha um papel de notável valia na economia brasileira, sendo uma das principais atividades do país. A raça Nelore passou por um extenso processo de melhoramento genético no Brasil, com foco especial na produção de carne. Essa raça é reconhecida por sua considerável capacidade de adaptação a ambientes de clima tropical e resistência a parasitas (Costa *et al.*, 2019). O Brasil abriga o segundo maior rebanho bovino do mundo, com um total de 202 milhões de cabeças (ABIEC, 2023) e desempenha um papel significativo na produção global de carne bovina, contribuindo com uma parcela de 12,18% (ABIEC, 2023).

Nesse cenário, as características produtivas dos bovinos Nelore exercem uma função crucial na produção pecuária. As características ponderais, tais como os pesos em idades padronizadas (por exemplo, 120, 205, 210, 365, 450 e 550 dias), são empregadas como critérios de seleção em programas de melhoramento genético (Gunski *et al.*, 2001; Gonçalves *et al.*, 2011; Nieto *et al.*, 2013; Barbosa *et al.*, 2017; Evangelista *et al.*, 2020). As idades padronizadas para a mensuração de peso são geralmente definidas com base em atividades de manejo significativas, como a vacinação, tornando-as critérios realistas para os modelos de seleção (Evangelista *et al.*, 2020).

Além dessas características, aquelas intrínsecas à carcaça, como a AOL, EG e EGP8, são de considerável importância econômica devido às demandas do mercado consumidor como, palatabilidade, menor quantidade de gordura e maciez. Nota-se que a carne de bovinos Nelore é conhecida por seu sabor elevado e baixo teor de gordura marmorizada (ACNB, 2018). Assim, a AOL surge como indicador importante de ganho de peso, musculabilidade e rendimento de carcaça com estimativas de herdabilidade em bovinos Nelore que variam de 0,25 a 0,64 (Barbosa *et al.*, 2010; Zuin *et al.*, 2012; Caetano *et al.*, 2013; Marques *et al.*, 2013; Paula Junior *et al.*, 2015; Buzanskas *et al.*, 2017), apontando a possibilidade de progresso genético considerável na musculabilidade. A EG e a EGP8 também são características de significância econômica, uma vez que refletem o grau de acabamento da carcaça dos animais, pois a terminação de bovinos é marcada pela deposição de gordura visando

proteger a carcaça do resfriamento, exsudação e encurtamento e, assim, reduzir a perda de peso (Sugisawa *et al.*, 2013). As estimativas de herdabilidade para EG variam de 0,10 a 0,44, enquanto para EGP8 variam de 0,19 a 0,36 em análises unicaracterísticas em bovinos Nelore (Bonin *et al.*, 2015; Faria *et al.*, 2015; Paula Junior *et al.*, 2015; Buzanskas *et al.*, 2017).

Paralelamente a essas características, a STAY efetua um papel notório na pecuária de corte, pois influi sobre a lucratividade de outras características econômicas como o peso. Ela se relaciona com a permanência das fêmeas no rebanho sem comprometer o desempenho reprodutivo. Além do impacto econômico, essa característica está ligada ao bem-estar animal e à redução dos custos de produção de novilhas de reposição (Garcia *et al.*, 2017; Damiran *et al.*, 2018), mas sua mensuração pode ser desafiadora, muitas vezes ocorrendo tardiamente na vida do animal, e às vezes após a sua morte.

À vista disso, a herdabilidade de uma característica, dentro de uma população, desempenha um papel determinante na estratégia a ser adotada para o seu aprimoramento, uma vez que avalia a capacidade de transmissão dessa característica para as gerações futuras (Oliveira *et al.*, 2007; Guimarães e Faria, 2010; Evangelista *et al.*, 2020). Concomitantemente, as estimativas de tendências genéticas permitem observar mais facilmente as mudanças no mérito genético médio das características na população ao longo dos anos de seleção (Bessa *et al.*, 2021), bem como auxiliar no planejamento e ajuste de direções futuras para o programa de melhoramento.

Dessa forma, os objetivos deste estudo foram: 1) estimar componentes de (co)variância para as características ponderais nas idades padronizadas (P210, P365 e P450), de carcaça (AOL, EG e EGP8) e diferentes *stayability* (STAY48, STAY54 e STAY72) e; 2) avaliar as tendências genéticas o longo dos anos para as características em estudo em bovinos Nelore utilizando modelos unicaracterísticos e abordagem Bayesiana.

2.2 Material e métodos

2.2.1 Dados fenotípicos

O banco de dados refere-se a fêmeas de reprodução *Bos indicus* da raça Nelore e é composto por registros de fazendas, provenientes do banco de dados da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). O pedigree completo continha um total de 94.703. As características analisadas foram *stayability* aos 48 meses (STAY48); aos 54 meses (STAY54); e tradicional (STAY72) relacionada ao êxito em parir e desmamar no mínimo três bezerros (mensurada pelo número de progêniez desmamadas até os 72 meses); características ponderais, peso padronizado aos 210 (P210); aos 365 (P365) e aos 450 (P450) dias e de carcaça, área do olho de lombo (AOL); espessura da gordura subcutânea no lombo (EG) e espessura da gordura subcutânea na picanha (EGP8).

Para STAY48 e STAY54 as fêmeas foram desafiadas precocemente, sendo 1 atribuído a falha, ou seja, fêmeas precoces que não tiveram três partos com três bezerros desmamados até os respectivos meses definidos, e 2 atribuído ao sucesso, fêmeas que desmamaram pelo menos três bezerros até os respectivos meses. Enquanto STAY72 incluiu todas as fêmeas, não somente as precoces, sendo atribuído 1 para indicar fracasso (desmamou menos de três bezerros) e 2 indicando sucesso (desmamou três ou mais bezerros). O valor zero foi assumido para dados ausentes.

A estruturação do banco de dados foi realizada, inicialmente, no programa R, versão 4.2.3. O banco de fenótipos foi dividido em 9 arquivos de dados, sendo um para cada uma das características analisadas (P210, P365, P450, STAY48, STAY54, STAY72, AOL, EG, EGP8). Os grupos contemporâneos (GC) foram constituídos pela combinação do ano, fazenda de nascimento da fêmea e lote de manejo e previamente definidos pela ANCP. Foram eliminados da análise animais pertencentes a grupos contemporâneos com menos de três registros e registros dos animais sem pais conhecidos.

Os GCs foram utilizados como efeitos sistemáticos. O controle de qualidade fenotípico foi realizado a fim de deixar somente fêmeas com informações de pedigree. A Tabela 1 apresenta as estatísticas descritivas dos dados.

Tabela 1. Número de registros (N), categorias de resposta classificadas em 1 (n1), 2 (n2), 3 (n3) e 4 (n4), médias (desvios padrão (SD)), valores máximos e mínimos e obtidos para cada característica em análise unicaracterística.

	N	Categoria		CV (%)	Máximo	Mínimo
		n1	n2			
STAY72	20.254	8.843	11.411	31,72	2,00	1,00
STAY54	29.537	21.720	7.817	34,88	2,00	1,00
STAY48	29.537	27.263	2.274	24,75	2,00	1,00
P210 (kg)	18.506	-	-	11,33	295,00	99,00
P365 (kg)	20.572	-	-	12,81	479,00	159,00
P450 (kg)	21.733	-	-	12,78	526,00	188,00
AOL (cm ²)	5.968	-	-	6,81	69,00	54,00
EG (mm)	7.080	-	-	24,42	7,00	3,00
EGP8 (mm)	10.498	-	-	32,07	11,00	2,00

STAY48 = *stayability* aos 48 meses; STAY54 = aos 54 meses e STAY72 = *stayability* aos 72 meses; P210 = peso padronizado aos 210 dias; P365 = peso padronizado aos 365 dias; P450 = peso padronizado aos 450 dias; AOL = área do olho de lombo; EG = espessura da gordura subcutânea no lombo; EGP8 = espessura da gordura subcutânea na picanha; para STAY48 e STAY54: n1 = falha (que não tiveram três partos com três bezerros desmamados), e n2 = sucesso (desmamaram pelo menos três bezerro); para STAY72: n1 = fracasso (desmamou menos de três bezerros), n2 = sucesso (desmamou três ou mais bezerros).

2.2.2 Análises estatísticas

Para a obtenção dos componentes de variâncias, as análises foram conduzidas com os programas da família BLUPF90 (Miszta, 2022), incluindo registros de fenótipo e *pedigree*. Primeiro, foi usado o programa RENUMF90 para renumerar os animais, e

criar os arquivos de fenótipos e *pedigree* no formato de entrada para os programas posteriores. Para as análises foi considerado os seguintes modelos, sendo (1) para P210, esse modelo considera o efeito materno sobre essa característica e (2) para AOL, EGP8, EG, P365 e P450, o modelo não considera o efeito materno nas características:

$$y = X\beta + Zu + Mmat + Pmpe + \varepsilon \quad (1),$$

$$y = X\beta + Zu + \varepsilon \quad (2),$$

em que, y é vetor dos fenótipos, X é a matriz de incidência relacionando fenótipos a efeitos sistemáticos, β é o vetor de efeitos sistemáticos (GC, idade da mãe, linear e quadrática, idade do animal), Z é a matriz de incidência relacionando animais aos fenótipos, u é o vetor de efeitos genéticos aditivos diretos de cada animal, M é a matriz de incidência relacionando fenótipos aos efeitos aditivos maternos, P é a matriz de incidência relacionando fenótipo ao ambiente materno permanente, mpe é o vetor de efeitos permanentes maternos, mat é o vetor de efeitos aditivos maternos e ε é o vetor de resíduos. Foi assumido que, y , u , mat , mpe e ε apresentam distribuição normal, conforme descrito abaixo:

$$u \sim N(\mathbf{0}, G),$$

$$mat \sim N(\mathbf{0}, M),$$

$$mpe \sim N(\mathbf{0}, P)$$

$$\varepsilon \sim N(\mathbf{0}, R),$$

$$y | \beta, u, mat, mpe, G, M, R \sim N(X\beta + Zu + Mmat + Pmpe, R),$$

em que $G = A\sigma_u^2$, $M = A\sigma_{mat}^2$, $P = I\sigma_{mpe}^2$, $R = I\sigma_\varepsilon^2$, onde σ_u^2 , σ_{mat}^2 , σ_{mpe}^2 e σ_ε^2 , correspondem as variâncias genética aditiva direta para as características, materna e residual, respectivamente, A é a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco, e I é uma matriz identidade de ordem igual ao número de animais avaliados, G é a matriz de variância genética aditiva direta; P é a matriz de incidência relacionando fenótipo ao ambiente materno permanente; R é a matriz de variância residual; M é matriz da variância genética aditiva materna.

Na análise para STAY48, STAY54 e STAY72, foi utilizado o modelo de limiar e análise de dados categóricos (Tabela 1). O modelo empregado para essas análises foi proposto por Mrode e Thompson (2005), dada a análise do modelo linear para o limiar:

$$y = X\beta + Zu + \varepsilon$$

onde y é o vetor de limiar em uma escala normal, β e u são vetores de efeito fixo e aleatório, respectivamente. X é a matriz de incidência relacionando fenótipos a efeitos sistemáticos; Z é a matriz de incidência relacionando animais aos fenótipos, ε é o vetor de resíduos. No entanto, no modelo de limiar, foi assumido que a escala subjacente tem uma distribuição normal da seguinte forma:

$$u | \theta \sim N(W\theta, I\sigma_\varepsilon^2)$$

Onde u é o vetor da escala base com ordem r , $\theta' = (\beta', a')$ é o vetor de parâmetros com ordem s , β é um vetor de efeitos sistemáticos (GC, idade da fêmea linear e quadrática (P210) e idade do animal (AOL, EG e EGP8)) com ordem s , e a é o efeito aleatório genético aditivo; W é a matriz de incidência com ordem r por s ; I é a matriz identidade com ordem r por r , e σ_ε^2 é a variância residual. Como a variável na distribuição subjacente não é observável, para

modelos binários é admitido $\sigma_e^2 = 1$ (Sorensen e Gianola, 2002), o que é padrão para analisar dados categóricos sob o modelo de limiar (Van Tassel *et al.*, 1998).

Os parâmetros genéticos para todas as características foram estimados em análises unicaracterísticas Bayesianas usando o programa computacional GIBBSF90+ (Misztal *et al.*, 2022) e o modelo de limiar. As herdabilidades e parâmetros genéticos foram calculados com as estimativas de variâncias geradas *a posteriori*.

Na avaliação da convergência e distribuição das cadeias de Gibbs, foram adotados critérios de inspeção visual e o método proposto por Geweke (1992), os quais foram aplicados utilizando o pacote "BOA" (*Bayesian Output Analysis*) no software R (Smith, 2007). O método proposto por Geweke (1992) visa comparar os valores iniciais e finais da cadeia de Markov, com o intuito de detectar possíveis problemas de convergência. A hipótese nula afirmava que houve convergência, sendo que diferenças estatisticamente não significativas ($p > 0,05$) entre os valores testados sustentavam essa afirmação. Valores de probabilidade inferiores a 0,05 indicavam evidências contrárias à convergência das cadeias.

Assim, para as análises de todas as características, foram utilizadas de 500.000 (AOL, EG e EGP8) a 750.000 (P210, P365, P450, STAY48, STAY54 e STAY72) iterações da simulação de Monte Carlo em cadeia de Markov (MCMC), considerando um período de *burn-in* que variou de 100.000 (AOL, EG e EGP8) a 200.000 (P120, P210, P365, P450, STAY48, STAY54 e STAY72) e um intervalo de amostragem (*thin*) de 100 ciclos.

2.2.3 Tendência genética

Para avaliar a tendência genética das características estudadas ao longo dos anos de seleção, os valores genéticos (EBV) foram estimados através do software BLUPF90+ (Misztal *et al.*, 2022). As tendências genéticas foram estimadas regredindo o valor genético do animal em função do seu ano de nascimento, utilizando-se o modelo:

$$Y_i = b_1 x_1 + b_0 + \varepsilon_i,$$

em que: Y_i é o valor genético das características avaliadas do i ésimio ano de nascimento; b_1 é o coeficiente angular da reta; x_1 é o i ésimio ano de nascimento; b_0 é o intercepto; ε_i é o erro aleatório.

2.3 Resultados e discussão

Os componentes de variância, herdabilidades, desvio padrão posteriores e intervalos de densidade probabilidade *a posteriori* 95% (HPD95) estão demonstrados na Tabela 2. É importante notar que o teste de Geweke não revelou significância ($P > 0,05$), não rejeitando a convergência do algoritmo MCMC.

Tabela 2. Médias *a posteriori*, desvios padrão *a posteriori* (PDP) e intervalos de densidade probabilidade *a posteriori* 95% (HPD95) para os componentes de variância, herdabilidade animal (h^2_a) e herdabilidade materna (h^2_m) foram obtidos para as características avaliadas em bovinos Nelore.

	σ_{gd}^2	σ_m^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2_a	h^2_m
P210	91,87±12,11	34,15±6,04	167,50±8,40	305,35±6,05	0,30±0,04	0,11±0,02
	[67,39;114,30]	[22,72;46,08]	[150,60;183,70]	[293,29; 316,67]	[0,22; 0,37]	[0,07; 0,15]
P365	198,22±15,85	-	333,18±11,53	531,39±7,06	0,37±0,03	-
	[167,50;229,50]	-	[311,10;356,80]	[517,90;545,40]	[0,32; 0,42]	-
P450	243,53±17,06	-	360,74±12,16	604,27±8,02	0,40±0,02	-
	[211,10;277,50]	-	[336,00;383,40]	[588,60;619,80]	[0,33;0,43]	-
AOL	1,80±0,45	-	11,39±0,41	13,19±0,28	0,14±0,03	-
	[1,01;2,75]	-	[10,55;12,17]	[12,65;13,73]	[0,07;0,20]	-
EG	0,20±0,03	-	0,79±0,03	0,99±0,02	0,20±0,03	-
	[0,13;0,27]	-	[0,73;0,84]	[0,96;1,03]	[0,14;0,26]	-
EGP8	1,08±0,09	-	1,42±0,07	2,50±0,05	0,43±0,03	-
	[0,88;1,25]	-	[1,28;1,55]	[2,41;2,59]	[0,36;0,49]	-
STAY48	0,13±0,03	-	1,00±0,01	1,13±0,03	0,11±0,02	-

	[0,07;0,19]	-	[0,98;1,02]	[1,07;1,20]	[0,07;0,16]	-
STAY54	0,14±0,02	-	1,01±0,02	1,15±0,03	0,12±0,02	-
	[0,10;0,19]	-	[0,99;1,03]	[1,10;1,21]	[0,09;0,16]	-
STAY72	0,018±0,002	-	0,08±0,003	0,10±0,003	0,18±0,02	-
	[0,01;0,02]	-	[0,08;0,09]	[0,10;0,12]	[0,13;0,23]	-

σ_{gd}^2 = variância genética direta; σ_e^2 = variância residual; σ_p^2 = variância fenotípica; σ_m^2 = variância genética materna; h_a^2 = herdabilidade genética aditiva do animal; h_m^2 = herdabilidade genética materna do animal; STAY48 = *stayability* aos 48 meses; STAY54 = aos 54 meses e STAY72 = *stayability* aos 72 meses; P210 = peso padronizado aos 210 dias; P365 = peso padronizado aos 365 dias; P450 = peso padronizado aos 450 dias; AOL = área do olho de lombo; EG = espessura da gordura subcutânea no lombo; EGP8 = espessura da gordura subcutânea na picanha.

2.3.1 Estimativas de herdabilidade

As estimativas de herdabilidade obtidas através do modelo unicaracterísticas para P210, P365, P450, EG, EGP8, AOL, STAY48, STAY54 e STAY72 sugerem que há variabilidade genética aditiva nessas características (Tabela 2). Foi observado ainda uma amplitude menor para HPD95 para P365, P450, STAY48, STAY54 e STAY72 inferindo que há uma certeza relativa em relação à estimativa do parâmetro, enquanto para a P210, AOL, EG e EGP8 os HPD95 tiveram amplitude maior indicando maior incerteza (Tabela 2).

A herdabilidade estimada para P210 foi de 0,30 (Tabela 2). O gráfico de densidade *a posteriori* para a herdabilidade dessa característica apresentou uma distribuição normal, sem variações significativas ao longo da curva (Figura Suplementar S1a). Resultados semelhantes foram reportados mostrando variação de 0,11 a 0,39 em bovinos Nelore (Zuin *et al.*, 2012; Lira *et al.*, 2013; Oliveira *et al.*, 2017; Kluska *et al.*, 2018; Santos *et al.*, 2019; Bessa *et al.*, 2021). Bessa *et al.*, (2021) encontraram estimativa de herdabilidade genética direta inferior ao presente estudo (0,23) em bovinos da raça Brahman, que pode ser explicado por se tratar de espécies diferentes. A estimativa da herdabilidade materna para P210 foi de 0,11 (Tabela 2) congruente com a relatada por Oliveira *et al.* (2017) (0,12), usando modelos de regressão aleatória em bovinos Nelore, sugerindo que apesar do valor ser de baixa magnitude o valor genético materno é manifestado no peso ao desmame dos descendentes desta fêmea contribuindo para a variação fenotípica da P210.

Para P365 a herdabilidade estimada foi de 0,37 (Tabela 2, Figura Suplementar S1b). Lira *et al.* (2013) usando modelo unicaracterísticas em bovinos Nelores relataram estimativas de herdabilidade de 0,41, enquanto Evangelista *et al.* (2020) reportaram estimativa de 0,46 em Nelore Mocho por meio de modelo multicaracterísticas. Os resultados obtidos no presente estudo foram inferiores aos relatados pelos autores acima, o que poder explicado pela maior quantidade de informações em ambos os estudos. Em contrapartida, Santos *et al.* (2019) utilizaram também modelo unicaracterística em Nelores obtiveram estimativas de herdabilidade variando de 0,11 a 0,17.

A herdabilidade estimada para P450 (Tabela 2, Figura Suplementar S1c) foi 0,40 indicando que também há variabilidade genética suficiente para possibilitar o progresso genético para essa característica, mas com ganhos genéticos apenas moderados por geração. Estimativa superior (0,44) foi relatada por Kluska *et al.* (2018) em bovinos Nelore com informação genômica, o que pode explicar a superioridade do valor encontrado por eles. No entanto, Bessa *et al.* (2021) utilizando um método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) reportaram estimativa de herdabilidade para P450 em bovinos da raça Brahman de 0,29, inferior ao do presente estudo podendo ser justificado pela diferença das raças estudadas e além do método de estimação de componentes de variância.

A estimativa de herdabilidade para EG foi de moderada magnitude (0,20) (Tabela 2). O gráfico de densidade *a posteriori* da herdabilidade genética aditiva direta (Figura Suplementar S2a) demonstrou uma distribuição normal com tendência para a esquerda e com pequenas oscilações. Paula *et al.* (2015) em análises bicaracterísticas relataram estimativa de 0,74, superior ao encontrado nesse estudo, a diferença pode ser explicada pelos diferentes modelos utilizados, pois em análises bicaracterísticas as estimativas de herdabilidade podem ser mais elevadas devido a incorporação de mais informações consideradas na análise (Schaeffer, 1984). Em contrapartida, Buzanskas *et al.* (2017) utilizando um método REML reportaram valor de 0,16, inferior ao presente estudo, podendo ser explicado pela diferença dos métodos utilizados.

Para EGP8 a herdabilidade estimada foi de 0,43 (Tabela 2, Figura Suplementar S2c) sugerindo que uma parcela significativa da variação genética nessas características é influenciada por genes de ação aditiva, os quais contribuem diretamente para o fenótipo do animal de maneira aditiva facilitando a hereditariedade da EGP8, dessa forma os descendentes desses indivíduos que expressam essas características provavelmente herdarão os alelos aditivos favoráveis, levando a uma melhoria ou um aumento dessa característica ao longo das gerações. Na literatura foram relatados valores inferiores variando de 0,19 a 0,32 (Lima Neto et al., 2009; Barbosa *et al.*, 2010; Faria *et al.*, 2015; Paula Junior et al., 2015; Buzanskas *et al.*, 2017). Contudo, Barbosa *et al.* (2010) reportaram herdabilidade de alta magnitude (0,65) trabalhando também com bovinos Nelore, essa diferença pode ser explicada

pela utilização de machos por esses autores, enquanto o atual estudo utilizou apenas informações de fêmeas.

A estimativa da distribuição *a posteriori* de herdabilidade para AOL foi de baixa magnitude (0,14) (Tabela 2, Figura Suplementar S2a), indicando que a resposta à seleção para essa característica seria baixa. No entanto, dada a importância econômica dessa característica, ainda se justifica seu uso em programas de melhoramento genético. Gordo et al (2016) encontraram estimativa ligeiramente inferior (0,13). Valores superiores também foram encontrados na literatura para bovinos Nelore (variando de 0,25 a 0,41) (Bonin *et al.*, 2015; Paula Junior et al., 2015; Buzanskas *et al.*, 2017). Lima Neto *et al.* (2009) estimaram herdabilidade de 0,35 em análise unicaracterísticas na raça Guzerá, cujo rebanho era composto por 90% machos e cerca de 10% fêmeas evidenciando que quando AOL é mensurada também em machos a herdabilidade pode ser superior, pois a melhoria na AOL será mais bem visualizada nos touros descendentes dessas fêmeas, visto que os machos são preferíveis para abate e as fêmeas usadas como matrizes reprodutoras.

A STAY é uma característica mensurada tardiamente na vida dos animais, além de ser limitada ao sexo dificultando assim, o seu progresso genético. A estimativa de herdabilidade para STAY48 foi de baixa magnitude (0,11) (Tabela 2, Figura Suplementar S3a). Em animais da raça Caracu, Queiroz *et al.* (2007) relataram estimativa de 0,28 para habilidade de permanência aos 48 meses utilizando um método Bayesiano. Silva *et al.* (2021) encontraram o valor de 0,10 para STAY48 em modelo multicaracterísticos. A diferença nos valores encontrados entre esses estudos, se baseia nas diferentes condições ambientais e práticas de manejo entre as populações.

Para STAY54 a estimativa de herdabilidade foi de 0,12 (Tabela 2, Figura Suplementar S3b). O gráfico de densidade *a posteriori* apresentou uma distribuição normal dos dados com tendência para a esquerda e com oscilações. Estudos com STAY54, especificamente, não foram encontrados devido a muitos autores utilizarem outras medições como STA52 (Ramos *et al.*, 2021), STAY53 (Ramos *et al.*, 2019), STAY60 (Silva *et al.*, 2016; Nascimento *et al.*, 2023), STAY63 (Ramos *et al.*, 2019), STAY64. (Ramos et a., 2019). Ramos *et al.*, (2021) trabalhando com STAY52 em

bovinos Nelore utilizando o método Baeyiano relataram uma estimativa de 0,092, similar ao presente estudo.

A estimativa de herdabilidade para STAY72 foi de 0,18 (Tabela 2, Figura Suplementar S3c). Nascimento *et al.* 2023 relataram estimativas similares em bovinos Jersey (0,15 a 0,18) e, estimativa ligeiramente superior (0,23) em animais da raça Caracu foi reportada (Queiroz *et al.*, 2007). A herdabilidade para STAY72 (0,19) estimada nesse estudo está dentro dos valores reportados por outros autores utilizando STAY76 em animais Neloeres e Brahman, 0,14 a 0,19 (Kluska *et al.*, 2018; Schmidt *et al.*, 2018; Ramos *et al.*, 2019; Bessa *et al.*, 2021; Ramos *et al.*, 2021).

As reduzidas estimativas de herdabilidade atribuídas a STAY48, STAY54 e STAY72 sugerem que a variabilidade nessas características pode ser predominantemente influenciada por fatores ambientais como clima que afeta diretamente a disponibilidade de forrageiras, manejo, bem-estar nutrição e/ou efeitos genéticos não aditivos.

2.3.2 Tendências genéticas

A tendência genética permite observar mudanças nas características ao longo do tempo, quando efetivadas por processo de seleção. As tendências genéticas foram estimadas através da regressão dos valores genéticos sobre o ano de nascimento dos animais e foram significativas ($P < 0,05$) para AOL (Figura 1a), P210 (Figura 2a), P365 (Figura 2b), P450 (Figura 2c), STAY54 (Figura 3b) e STAY72 (Figura 3c) e iguais a -0,01 cm²/ano, 0,29 kg/ano, 0,33 kg/ano, 0,41 kg/ano, 0,0024 meses/ano e 0,0064 meses/ano, respectivamente. Para EG (Figura 1b), EGP8 (Figura 1c) e STAY48 (Figura 3a) as tendências genéticas não foram significativas ($P > 0,05$) e iguais a 0,002 mm/ano, 0,0025 mm/ano e 0,00004 meses/ano, respectivamente.

Para a AOL a tendência genética foi igual a -0,01 cm²/ano (Figura 1a). Menezes *et al.* (2013) e Bessa *et al.* (2021) relataram uma estimativa de tendência genética superior de 0,012 cm²/ano e 0,16 cm²/ano, respectivamente. reportaram valor superior. Esta característica, frequentemente de grande importância para a indústria

de carne, onde os machos predominam, merece destaque. Neste estudo, a análise foi direcionada às fêmeas nelores explicando a curva decrescente ao longo dos anos estudados, concomitantemente as possíveis melhorias se revelarão mais claramente em sua progênie. A tendência genética relativa à AOL é baixa, podendo ser melhorada com a incorporação de dados de todo o rebanho e não somente das fêmeas, visto a importância dessa característica na seleção genômica, dado seu impacto direto na otimização do rendimento das carcaças, uma vez que essa característica está intrinsecamente ligada à produção total de carne (Menezes *et al.*, 2013).

Para EG (Figura 1b) e EGP8 (Figura 1c) as tendências genéticas foram positivas (0,002 mm/ano e 0,0025 mm/ano, respectivamente) (Figura 1c) evidenciando uma tendência positiva para essas características diretamente ligadas à qualidade da carne, pois proteges contra o enrijecimento causado pela desidratação e resfriamento durante o processo industrial. Para EG valores similares e superiores foram reportados na literatura para bovinos Nelore e Brahman, variando de 0,003 mm/ano a 0,0304 mm/ano (Silva *et al.*, 2009; Menezes *et al.*, 2013; Bessa *et al.*, 2021). Bessa *et al.* (2021) trabalhando com animais da raça Brahman estimaram o valor de 0,010 mm/ano para EGP8, superior ao relatado neste estudo.

O coeficiente de determinação (r^2) foi maior para AOL (0,698) indicando que o modelo proposto para essa característica explica a variação dos dados em comparação à EG (0,202) e EGP8 (0,029), cujos coeficientes de determinação foram baixos e próximos a zero.

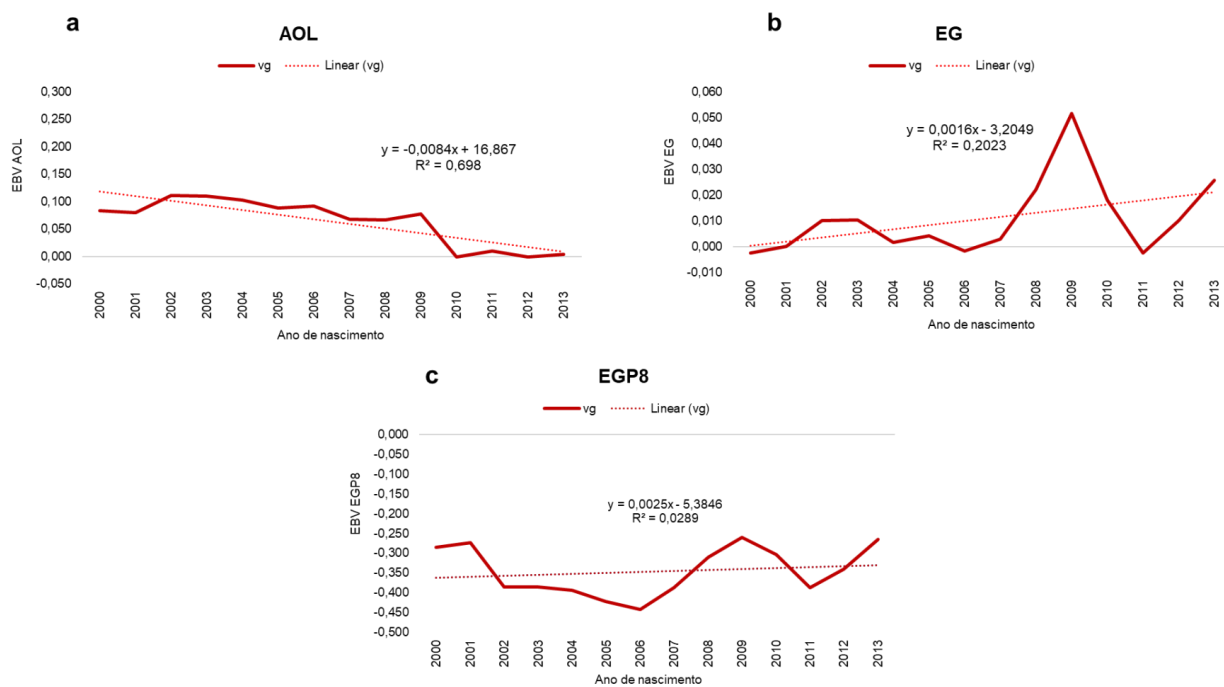


Figura 1. Tendência genética (regressão linear) para área do olho de lombo (AOL, a), espessura da gordura subcutânea no lombo (EG, b) e espessura da gordura subcutânea na picanha (EGP8, c).

Para P210 (Figura 2a) o valor de 0,29 kg/ano indica uma tendência positiva superior ao encontrado na literatura, variando de 0,016 a 0,1870 kg/ano (Amaral *et al.*, 2014; Oliveira *et al.*, 2017). O peso padronizado entre 205 e 240 dias destaca-se como um mérito para o sistema de criação de bovinos, servindo como critério de seleção e podendo ser empregados no momento de descarte e seleção de animais, possibilitando a escolha daqueles que melhor se alinham ao sistema e aos objetivos de produção.

Para P365 a tendência genética foi de 0,33 kg/ano (Figura 2b) indicando um expressivo incremento nos valores genéticos ao longo dos anos. Essa característica evidencia uma trajetória ascendente na tendência genética. Zuin *et al.* (2012) relataram tendência inferior em bovinos Nelore de 0,078 kg/ano. Souza *et al.* (2011) estimaram tendências genéticas para bovinos Nelores de 0,80 kg/ano e Bessa *et al.* (2021) reportaram o valor de 0,59 kg/ano em bovinos Brahman.

A tendência genética para P450 foi de 0,41 kg/ano (Figura 2c), delineia-se uma clara tendência de crescimento nos valores genéticos ao longo dos anos. Bessa *et al.* (2021) relataram valor de 0,70 kg/ano em bovinos Brahman. Menezes *et al.* (2022) encontraram o valor de 0,13 kg/ano em animais da raça Caracu aos 500 dias.

O r^2 foi superior a 0,90 para P210, P365 e P450 indicando que o modelo proposto para as características ponderais explica a variação dos dados.

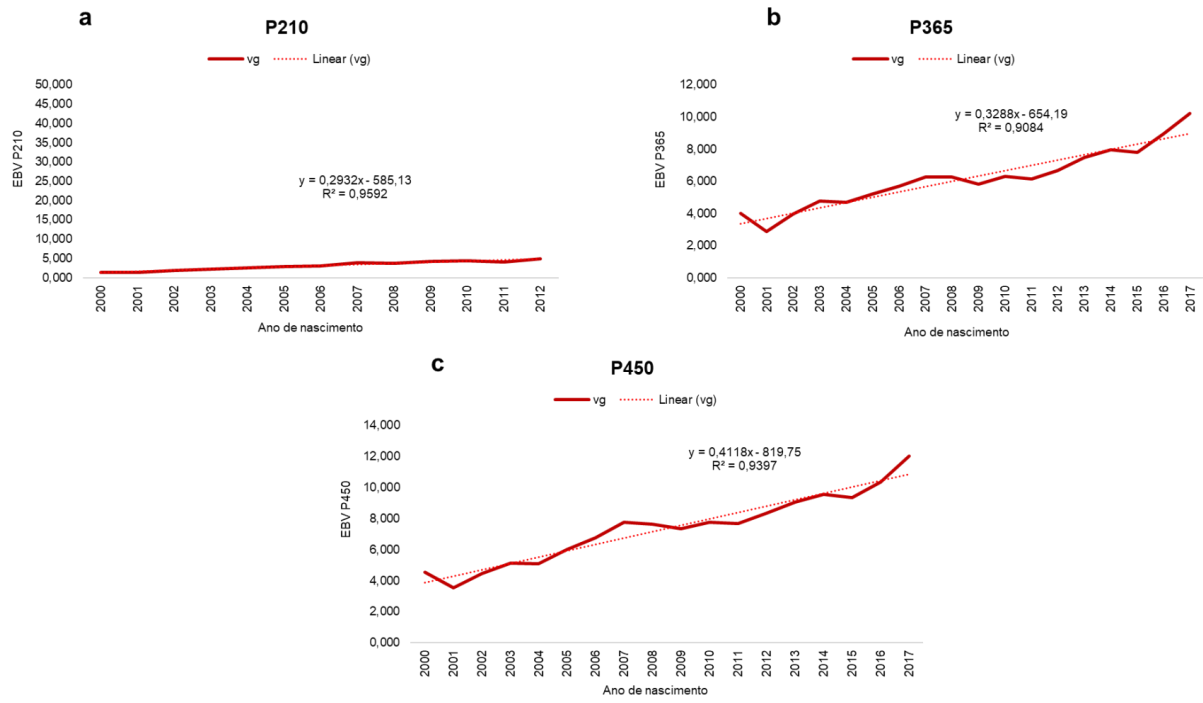


Figura 2. Tendência genética (regressão linear) para peso padronizado aos 210 dias (P210, a), para peso padronizado aos 365 dias (P365, b), para peso padronizado aos 450 dias (P450, c).

No que concerne à STAY48 a estimativa de tendência genética foi de 0,00004 meses/ano (Figura 3a) apontando limitações em sua capacidade de explicar a variabilidade do ano de nascimento relacionado à STAY48.

Para STAY54 (Figura 3b) e STAY72 (Figura 3c) as tendências genéticas foram positivas (0,0024 e 0,0064 meses/ano, respectivamente) sugerindo que o ano exerce uma influência estatisticamente significativa nessa característica. Para STAY72, Bessa *et al.* (2021) estimaram uma tendência de -0,05 dias/ano em bovinos Brahman. A análise sugere que fatores para além dos genéticos podem desempenhar um papel significativo, ressaltando a importância de uma análise mais detalhada que considere variáveis ambientais e de manejo.

O r^2 foi maior para STAY72 (0,869) indicando que o modelo proposto para essa característica explica melhor a variação dos dados em comparação com STAY48 (0,005) e STAY54 (0,671).

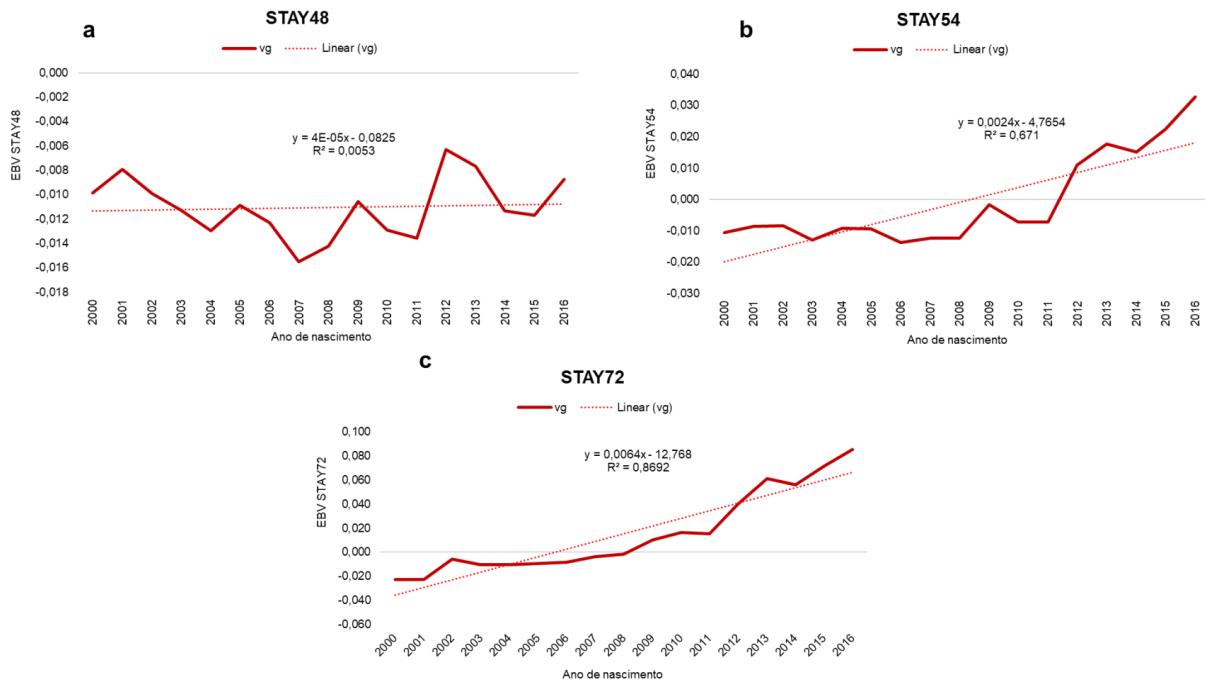


Figura 3. Tendência genética (regressão linear) *stayability* aos 48 meses (STAY48, a), *stayability* aos 54 meses (STAY54, b), *stayability* aos 72 meses (STAY72, c).

2.4 Conclusão

A seleção genética direta para P210, P365, P450, EG e EGP8 apresentaram variabilidade genética nas análises unicaracterísticas. As estimativas de herdabilidades para as diferentes STAYs e AOL indicam que a maior parte das variações nessas características são devida a fatores ambientais e genéticos não aditivos. Contudo, a importância econômica dessas características justifica a seleção delas. As tendências genéticas para P365, P450, EGP8 e STAY72 foram positivas e significativas evidenciando incrementos substanciais nessas características ao longo dos anos. Assim, os resultados deste estudo incentivam a compreensão das estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para otimizar programas de seleção genética em bovinos Nelore, considerando a interação entre influência genética e fatores ambientais para alcançar avanços significativos na criação de bovinos de corte.

2.5 Referências bibliográficas

ABIEC. Beef REPORT – 2023. In: Associação das Indústrias Exportadoras de Carne. Disponível em: <<https://www.abiec.com.br/publicacoes/beef-report-2023>>. Acesso em: 01 nov. 2023.

ACNB. Associação dos Criadores de Nelore do Brasil. (2018). Disponível em: <<http://www.Nelore.org.br/>>. Acesso em: 14 mar. 2023.

Alves, D. N.; Faria, C. U.; Lôbo, R. B. (2010) Correlações Fenotípicas Entre Crescimento E Características De Carcaça Medidas Por Ultrassonografia Em Bovinos Nelore Mocho Criados Em Bioma Cerrado. **Simpósio Nacional Em Ciência Animal, Uberlândia.**

Amaral, R. D. S., Carneiro, P. L. S., Martins Filho, R., Ambrosini, D. P., & Malhado, C. H. M. (2014). Tendências, Parâmetros Fenotípicos E Genéticos De Características De Crescimento Em Bovinos Nelore Mocho Do Nordeste Brasileiro. **Revista Brasileira De Saúde E Produção Animal**, 15, 261-271.

Barbosa, A. C. B., Carneiro, P.L.S., Rezende, M.P.G., Ramos, I.O., Martins Filho, R., Malhado, C.H.M. (2017) Parâmetros genéticos para características de crescimento e

reprodutivas em bovinos Nelore no Brasil. **Archivos de zootecnia**, v. 66, n. 255, p. 449-452.

Barbosa, V., Magnabosco, C.U., Trovo, J.B.F., Faria, C.U., Lopes, D.T., Viu, M.A.O., Lobo, R.B, Mamede, M.M.S. (2010) Estudo genético quantitativo de características de carcaça e perímetro escrotal, utilizando inferência bayesiana em novilhos nelore. **Bioscience Journal**, [s. l.], v. 26, n. 5, p. 789–797.

Bessa, A. F. O., Duarte, I. N. H., Rola, L. D., Bernardes, P. A., Neto, S. G., Lôbo, R. B., ... & Buzanskas, M. E. (2021). Genetic Evaluation For Reproductive And Productive Traits In Brahman Cattle. **Theriogenology**, 173, 261-268.

Bonin, M. N. *et al.* (2015) Visual Body-Scores Selection And Its Influence On Body Size And Ultrasound Carcass Traits In Nellore Cattle. **Journal Of Animal Science**, [S. L.], V. 93, N. 12, P. 5597–5606.

Buzanskas, M. E., Pires, P.S., Chud, T.C.S., Bernardes, P.A., Rola, L.D., Savegnago, R.P., Lôbo, R.B., Munari, D.P. (2017) Parameter estimates for reproductive and carcass traits in Nelore beef cattle. **Theriogenology**, [s. l.], v. 92, p. 204–209. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.theriogenology.2016.09.057>.

Caetano, S. L.; Savegnago, R. P.; Boligon, A. A.; Ramos, S. B.; Chud, T. C. S.; Lôbo, R. B.; Munari, D. P. (2013) Estimates Of Genetic Parameters For Carcass, Growth And Reproductive Traits In Nellore Cattle. **Livestock Science**, [S. L.], V. 155, N. 1, P. 1–7. Disponível Em: <Http://Dx.Doi.Org/10.1016/J.Livsci.2013.04.004>.

Costa, E. V., Ventura, H.T., Veroneze, R., Silva, F.F., Pereira, M.A., Lopes, P.S. (2019) Bayesian linear-threshold censored models for genetic evaluation of age at first calving and *stayability* in Nellore cattle. **Livestock Science**, [s. l.], v. 230, n. October, p. 103833.

Damiran, D., Larson, K., Pearce, L., Erickson, N., Lardner, H.A. (2018) Effects Of Heifer Calving Date On Longevity And Lifetime Productivity In Western Canada. **Sustainable Agriculture Research**, [S. L.], V. 7, N. 4, P. 11.

Evangelista, A. F., Cavalcante, D. H., Malhado, C. H. M., Campelo, J. E. G., Carvalho, G., & Sousa Júnior, S. C. (2020). Estimação De Parâmetros Genéticos Para Características De Crescimento Em Bovinos Nelore Mocho Da Região Norte Do Brasil. **Livestock Research For Rural Development** ,[SI], 32(10).

Faria, C. U., Andrade, W.B.F., Pereira, C.F., Silva, R.P., Lôbo, R.B. (2015) Análise Bayesiana Para Características De Carcaça Avaliadas Por Ultrassonografia De

Bovinos Da Raça Nelore Mocho, Criados Em Bioma Cerrado. **Ciencia Rural**, [S. L.], V. 45, N. 2, P. 317–322.

Garcia, D. A., Rosa, G.J.M., Valente, B.D., Carvalheiro, R., Fernandes Júnior, G.A., Albuquerque, L.G. Evaluation of longevity modeling censored records in Nelore. **Animal**, [s. l.], v. 11, n. 12, p. 2113–2119, 2017. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1017/S1751731117001136>.

Garnero, A. D. V., Muñoz, M. C. C. D., Marcondes, C. R., Lôbo, R. B., Lira, T., & Gunski, R. J. (2010). Estimação De Parâmetros Genéticos Entre Pesos Pré E Pós-Desmama Na Raça Nelore. **Archivos De Zootecnia**, 59(226), 307-310.

Geweke, J. (1992) Evaluating The Accuracy Of Sampling-Based Frameworkes To The Calculations Of Posterior Moments. **Bayesian Statistics**, V. 4, P. 641-649.

Gianola, D.; Fernando, R. L. (1986) Bayesian Methods In A N I M A L Breeding Theory. **Journal Of Animal Breeding And Genetics**, [S. L.], V. 63, P. 217–244.

Gonçalves, F. M.; Pires, A. V.; Pereira, I. G.; Garcia, D. A.; Farah, M. M.; Meira, C. T.; Cruz, V. A. R. (2011) Avaliação Genética Para Peso Corporal Em Um Rebanho Nelore. **Arquivo Brasileiro De Medicina Veterinaria E Zootecnia**, [S. L.], V. 63, N. 1, P. 158–164.

Gordo, D. G. M., Espigolan, R., Tonussi, R. L., Júnior, G. F., Bresolin, T., Magalhães, A. B., ... & De Albuquerque, L. G. (2016). Genetic Parameter Estimates For Carcass Traits And Visual Scores Including Or Not Genomic Information. **Journal Of Animal Science**, 94(5), 1821-1826.

Guimarães, P. H. R., & De Faria, C. U. (2010). Caracterização Da Raça Nelore Mocho No Brasil: Revisão Bibliográfica. **Pubvet**, 4(37).

Gunski, R. J., Garnero, A. V., Borjas, A. R., Bezerra, L. A. F., Lôbo, R. B. (2001) Estimativas De Parâmetros Genéticos Para Características Incluídas Em Critérios De Seleção Em Bovinos Nelore. **Ciência Rural** 31:603-607.

Kluska, S., Olivieri, B. F., Bonamy, M., Chiaia, H. L. J., Feitosa, F. L. B., Berton, M. P., ... & Baldi, F. (2018). Estimates of genetic parameters for growth, reproductive, and carcass traits in Nelore cattle using the single step genomic BLUP procedure. **Livestock Science**, 216, 203-209.

Lima Neto, H. R., Bergmann, J. A. G., Gonçalves, T. D. M., Araújo, F. R. D. C., Bezerra, L. A. F., Saiz, R. D., ... & Silva, M. A. (2009). Parâmetros Genéticos Para

Características De Carcaça Avaliadas Por Ultrassonografia Em Bovinos Da Raça Guzerá. **Arquivo Brasileiro De Medicina Veterinária E Zootecnia**, 61, 251-258.

Lira, T. S. D., Pereira, L. D. S., Lopes, F. B., Ferreira, J. L., Lôbo, R. B., & Santos, G. C. D. J. (2013). Tendências Genéticas Para Características De Crescimento Em Rebanhos Nelore Criados Na Região Do Trópico Úmido Do Brasil. **Ciência Animal Brasileira**, 14, 23-31.

Marques, E. G., Magnabosco, C. U., Lopes, F. B., & Silva, M. C. (2013). Estimativas De Parâmetros Genéticos De Características De Crescimento, Carcaça E Perímetro Escrotal De Animais Da Raça Nelore Avaliados Em Provas De Ganho Em Peso Em Confinamento. **Biosci. J.(Online)**, 159-167.

Menezes, G. D. O., Martin Nieto, L., Rosa, A. D. N., Nobre, P. R. C., Silva, L. O. C., & Gondo, A. (2013). Tendências genéticas para características de carcaça ao sobreano na raça Nelore: **Programa Geneplus-Embrapa**.

Menezes, F. L., De Araújo, C. V., Da Silva, F. G., Araújo, S. I., Laureano, M. M. M., Pavan, N. L., & Santana, L. M. K. (2022). Associações Genéticas Entre Os Critérios Seletivos De Bovinos De Corte-Revisão De Literatura. **Research, Society And Development**, 11(14), E280111436177-E280111436177.

Misztal, I. (2022). **Blupf90 Family Of Programs**. [Http://Num. Ads. Uga. Edu/Pub/Blupf90/](http://Num. Ads. Uga. Edu/Pub/Blupf90/).

Mrode, R., Thompson, R. (2005) Linear Models For The Prediction Of Animal Breeding Values. 2^oed. **Cabi Publishing**, P.212, 2005.

Nascimento, B. M., Wolfe, C.W., Weigel, K.A., Peñagaricano, F. Effects Of Type Traits, Inbreeding, And Production On Survival In Us Jersey Cattle. **Journal Of Dairy Science**, [S. L.], V. 106, N. 7, P. 4825–4835, 2023.

Nieto, L. M.; Alencar, M. D; Rosa, A. D. N. (2013) Critérios De Seleção. **Melhoramento Genético Aplicado Em Gado De Corte: Programa Geneplus**. Brasília: Embrapa, P. 109-122, 2013.

Oliveira, H. R., Ventura, H. T., Costa, E. V., Pereira, M. A., Veroneze, R., De Souza Duarte, M., & E Silva, F. F. (2017). Meta-Analysis Of Genetic-Parameter Estimates For Reproduction, Growth And Carcass Traits In Nellore Cattle By Using A Random-Effects Model. **Animal Production Science**, 58(9), 1575-1583.

Oliveira, M., Rota, E., Dionello, N., & Aita, M. (2007). Herdabilidade E Correlações Genéticas Do Perímetro Escrotal E Idade Ao Primeiro Parto Com Características Produtivas Em Bovinos De Corte: Revisão. **Current Agricultural Science And Technology**, 13(2).

Paula Junior, E. H., Martins, E. N., De Oliveira, C. A. L., Magnabosco, C. D. U., Sainz, R. D., Geron, L. J. V., ... & Miguel, G. Z. (2015). Associations Between Reproductive And Carcass Traits In Nelore. *Semina: Ciências Agrárias (Londrina)*, 36(6 Suppl. 2), 4423-4434.

Queiroz, S. A., Figueiredo, G., Silva, J.A.II.V., Espasandin, A.C., Meirelles, S.L., Oliveira, J.A. Estimativa De Parâmetros Genéticos Da Habilidade De Permanência Aos 48, 60 E 72 Meses De Idade Em Fêmeas Da Raça Caracu. **Revista Brasileira De Zootecnia**, [S. L.], V. 36, N. 5, P. 1316–1323, 2007.

Ramos, P. V. B., E Silva, F. F., Da Silva, L. O. C., Santiago, G. G., Menezes, G. R. D. O., Soriano Viana, J. M., ... & Brito, L. F. (2019). Genomic Evaluation For Novel *Stayability* Traits In Nelore Cattle. **Reproduction In Domestic Animals**, 55(3), 266-273.

Ramos, P. V. B., Silva, L.O.C., Perez, B.C., Júnior, R.A..A.T., Menezes, G.R.O., Alvarenga, L.C., Filho, R.A.T., Duarte, M.S., Silva, F.F. (2021) “*Stayability*” And Consecutive Rebreeding Ability Associated To Carcass And Growth Traits In Brazilian Nelore Cattle: A Bayesian Framework. **Livestock Science**, [S. L.], V. 245, N. November 2020, P. 1–5.

Santos, C. L. R. D., Araújo, C. V., Laureano, M. M. M., Araújo, S. I., & Lôbo, R. B. (2019). Interação Genótipo X Ambiente Sobre O Desempenho Ponderal De Animais Da Raça Nelore Na Região Centro-Oeste. **Arquivo Brasileiro De Medicina Veterinária E Zootecnia**, 71, 1695-1702.

Santos, G. C. J., Lopes, F.B., Marques, E.G., Silva, M.C., Cavalcante, T.V., Ferreira, J.L. 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**, [S. L.], V. 34, N. 1, P. 97–101, 2012.

Schaeffer, L. R. (1984). Sire And Cow Evaluation Under Multiple Trait Models. **Journal Of Dairy Science**, 67(7), 1567-1580.

Schmidt, P. I., Campos, G.S., Lôbo, R.B., Souza, F.R.P., Brauner, C.C., Boligon, A.A. (2018) Genetic Analysis Of Age At First Calving, Accumulated Productivity, “*Stayability*” And Mature Weight Of Nelore Females. **Theriogenology**, [S. L.], V. 108, P. 81–87. Disponível Em:

Silva, D. O., Santana, M.L., Ayres, D.R., Menezes, G.R.O., Silva, L.O.C., Nobre, P.R.C., Pereira, R.J. Genetic Parameters For “*Stayability*” To Consecutive Calvings In Zebu Cattle. **Animal**, [S. L.], V. 12, N. 9, P. 1807–1814, 2018. Silva, J. A.I.I.V. *et al.* Heritability Estimate For “*Stayability*” In Nelore Cows. **Livestock Production Science**, [S. L.], V. 79, N. 1, P. 97–101, 2003.

Silva, S. D. L., Ferraz, J. B. S., Mourão, G. B., Tarouco, J. U., Mattos, E. C., Teixeira, L. A., & Eler, J. P. (2009). Tendências Genéticas Para Características De Carcaça Avaliadas Por Ultrassom Em Um Rebanho Nelore. **Anais; Inovação Científica E Tecnológica Em Zootecnia**.

Silva, R. M. O., Boligon, A. A., Fernandes, A. R., Vercesi Filho, A. E., El Faro, L., Tonhati, H., ... & Fraga, A. B. (2016). Estimates Of Genetic Parameters For *Stayability* And Their Associations With Traits Of Economic Interest In Gir Dairy Cows. **Genetics And Molecular Research**, 15(1).

Silva, D. A., Costa, C. N., Lopes, P. S., Veroneze, R., & Fonseca, F. (2021) Parametros genéticos para *Stayability* em bovinos da raça Holandesa no Brasil. **XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal** - Santa Catarina, Brasil–18 a 19 de Outubro de 2021.

Smith, B. J. Boa: An R Package For Mcmc Output Convergence Assessment And Posterior Inference. **Journal Of Statistical Software**, [S. L.], V. 21, N. 11, P. 1–37, 2007.

Souza, J.C.1, Silva, L.O.C.2, Gondo, A.3, Freitas, J.A.1, Malhado, C.H.M.4, Filho, P.B.F.5, Sereno, J.R.B.6, Weaber, R.L.7 And Lamberson, W.R. (2011). Parâmetros E Tendência Genética De Peso De Bovinos. **Archivos De Zootecnia**, 60(231), 457-465.

Souza, J. C., Gonçalves, J.L., Santos, S.F., Fernandes, A.M.F., Ricci, G.D. Parâmetros E Tendências Genéticas Para Características Produtivas De Bovinos Da Raça Nelore. **Ciência Animal Brasileira**, [S. L.], V. 19, N. 0, P. 1–8, 2018.

Suguisawa, L., Matos, B. C., & Suguisawa, J. M. (2013). Uso Da Ultrassonografia Na Avaliação De Características De Carcaça E De Qualidade Da Carne. **Melhoramento Genético Aplicado Em Gado De Corte: Programa Geneplus-Embrapa**. Rosa, An, 97-107.

Zuin, R. G. *et al.* Genetic Analysis On Growth And Carcass Traits In Nelore Cattle. **Meat Science**, [S. L.], V. 91, N. 3, P. 352–357, 2012. Disponível Em: [Http://Dx.Doi.Org/10.1016/J.Meatsci.2012.02.018](http://dx.doi.org/10.1016/j.meatsci.2012.02.018).

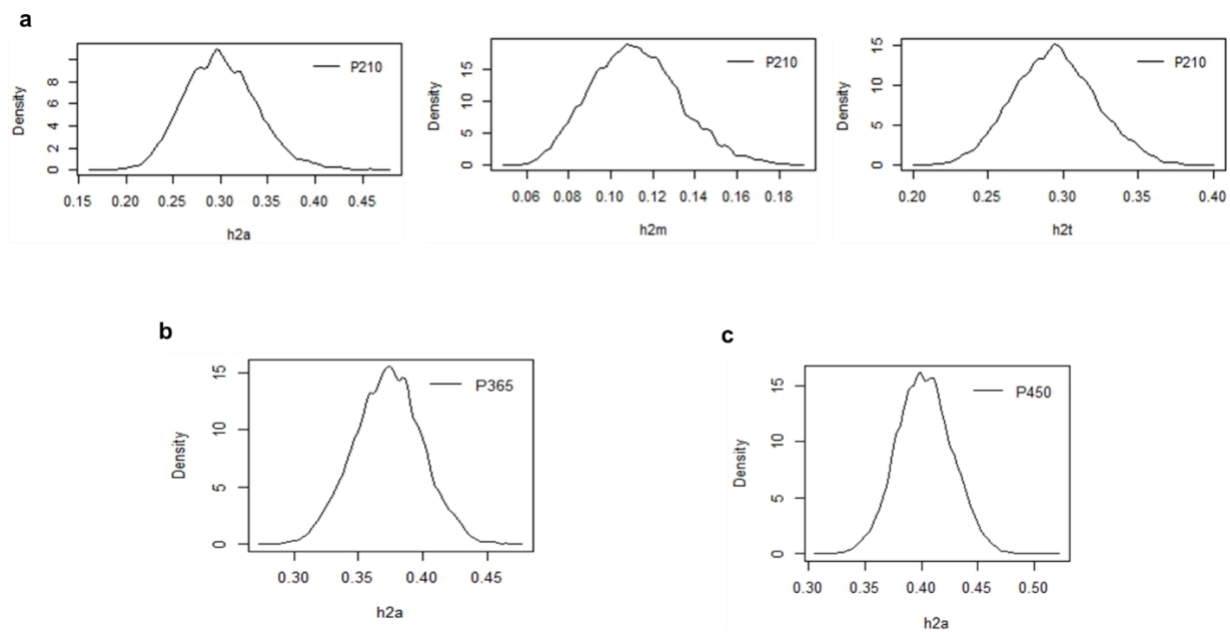
Material suplementar

Figura S1. Gráficos representando a densidade *a posteriori* estimada para a característica peso padronizado aos 210 (P210), aos 365 (P365) e aos 450 (P450) dias, sendo h_{2a} a herdabilidade aditiva direta, h_{2m} a herdabilidade materna e h_{2t} a herdabilidade total (soma da h_{2a} e h_{2m}).

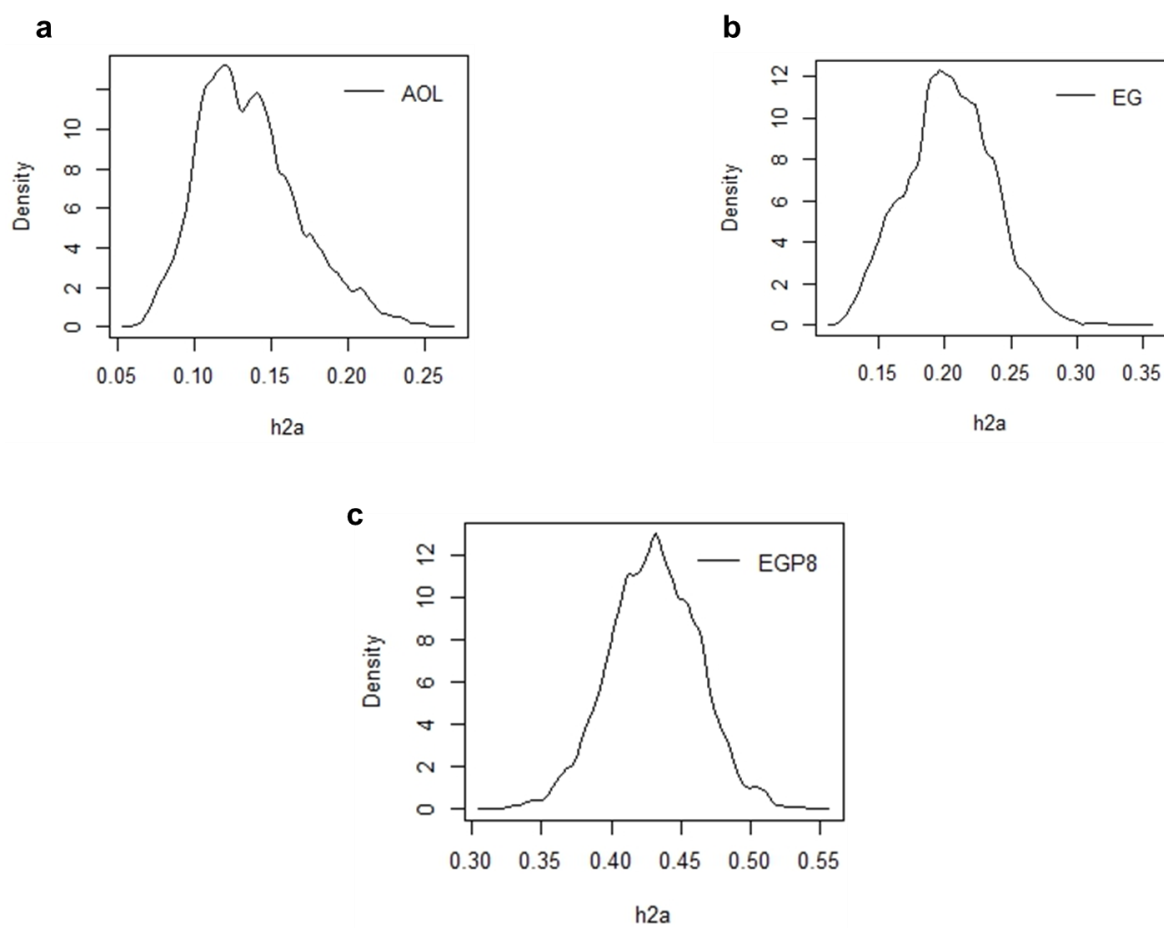


Figura S2. Gráficos representando a densidade *a posteriori* estimada para a característica espessura da gordura subcutânea no lombo (EG) e no lombo (EGP8), sendo h^2_a a herdabilidade aditiva direta.

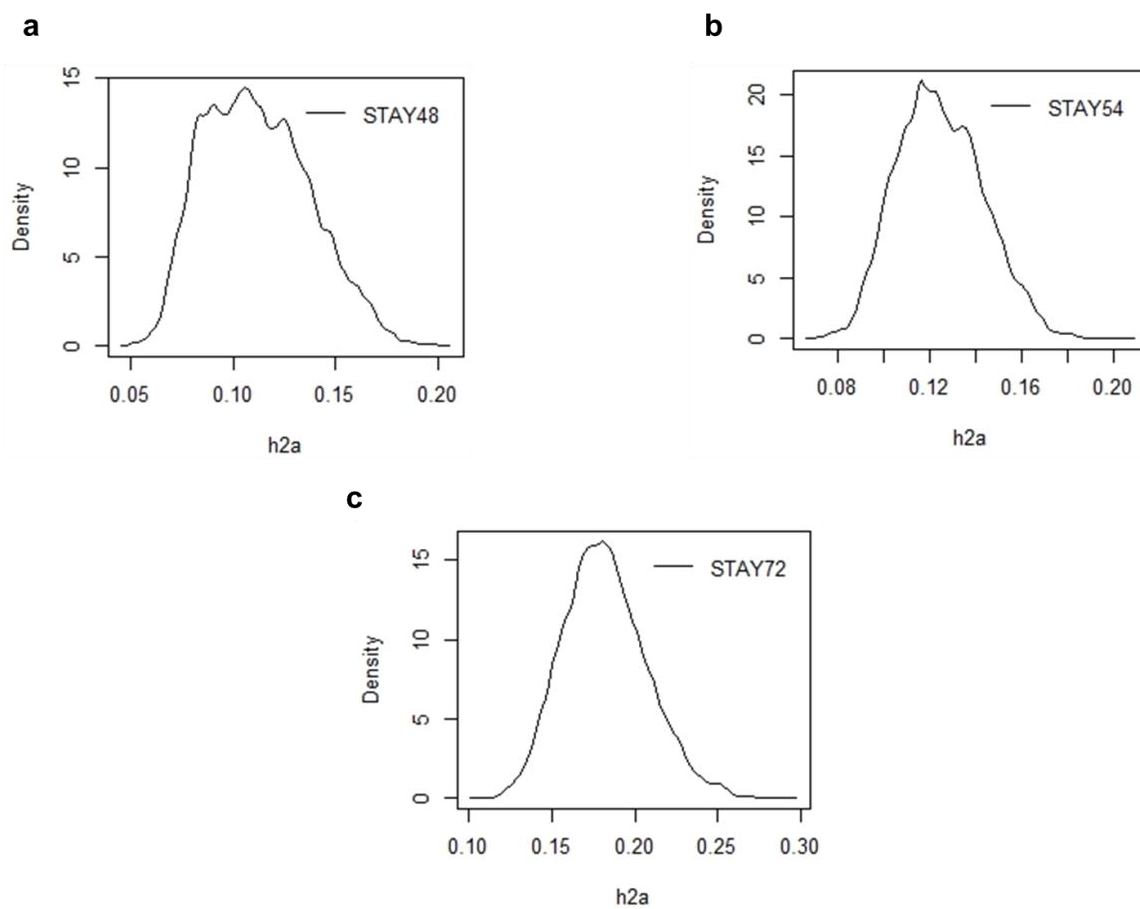


Figura S3. Gráficos representando a densidade *a posteriori* estimada para as características de *stayability* aos 48 (STAY48), aos 54 (STAY54) e aos 72 (STAY72) meses, sendo h2a a herdabilidade aditiva direta.

3. CAPÍTULO 3 – Correlações genéticas entre *stayability* mensurada em três períodos diferentes e características ponderais e de carcaça em análises multicaracterísticas em bovinos Nelore usando abordagem Bayesiana

RESUMO - Os bovinos Nelore desempenham um papel crucial na pecuária devido à sua adaptabilidade ao clima tropical. Características ponderais, de carcaça e *stayability* (STAY) são fundamentais no melhoramento genético, influenciando a resposta à seleção e o progresso genético. Este estudo objetivou: 1) estimar correlações genéticas entre todas as características, peso padronizado aos 210, 365 e 450 dias (P210, P365 e P450), área do olho de lombo (AOL) e espessuras de gordura subcutânea no lombo e na picanha (EG e EGP8, respectivamente) em análises tricaracterísticas com abordagem Bayesiana; 2) calcular ganhos genéticos, respostas correlacionadas e eficiência relativa de seleção para P450 e STAY48, STAY54 e STAY72. Com um pedigree de 94.703 fêmeas Nelore, correlações negativas de baixa magnitude foram observadas entre STAY48 e pesos (P365 e P450), STAY54 e P450, STAY72 e AOL e AOL e EG, variando de -0,193 a -0,330. Correlações positivas destacaram a influência, apesar de baixa, positiva de AOL, EGP8, P365 e STAY72 na P450 e de P365 e EGP8 nas STAY48 e STAY54. Os ganhos genéticos foram modestos e positivos para P365, AOL, EG, EGP8, STAY48, STAY54 e STAY72, indicando avanços potenciais na P450 sob seleção para essas características. Correlações negativas indicam que a seleção indireta para STAY48 e STAY54 não traz ganhos para a P450. Já os ganhos genéticos para STAY48 e STAY54 foram positivos sob seleção para P365 e EGP8 sugerindo que a seleção para essas características pode impactar positivamente a STAY48 e STAY54. Esses resultados são cruciais para entender as interações genéticas em bovinos Nelore, fornecendo orientações valiosas para programas de seleção e aprimoramento da raça.

Palavras-chave: eficiência, fêmeas, ganho genético, melhoramento animal

Genetic correlations between *Stayability* measured at three different periods and weight and carcass traits in multi-trait analyses in Nelore cattle incorporating a Bayesian framework.

ABSTRACT - Nelore cattle play a crucial role in livestock production due to their adaptability to tropical climates. Weight, carcass, and *stayability* (STAY) traits are fundamental in genetic improvement, influencing selection response and genetic progress. This study aimed to: 1) estimate genetic correlations between all traits, standardized weight at 210, 365, and 450 days (P210, P365, and P450), ribeye area (AOL), and subcutaneous fat thickness at the loin and rump (EG and EGP8, respectively) in multitrait analyses with a Bayesian framework; 2) calculate genetic gains, correlated responses, and relative selection efficiency for P450 and STAY48, STAY54, and STAY72. With a pedigree of 94,703 Nelore females, low magnitude negative correlations were observed between STAY48 and weights (P365 and P450), STAY54 and P450, STAY72 and AOL, and AOL and EG, ranging from -0.193 to -0.330. Positive correlations highlighted the positive, albeit low, influence of AOL, EGP8, P365, and STAY72 on P450 and P365 and EGP8 on STAY48 and STAY54. Genetic gains were modest and positive for P365, AOL, EG, EGP8, STAY48, STAY54, and STAY72, indicating potential advances in P450 under selection for these traits. Negative correlations indicate that indirect selection for STAY48 and STAY54 does not bring gains for P450. Conversely, genetic gains for STAY48 and STAY54 were positive under selection for P365 and EGP8, suggesting that selection for these traits may positively impact STAY48 and STAY54. These results are crucial for understanding genetic interactions in Nelore cattle, providing valuable guidance for selection programs and breed improvement.

Keywords: animal improvement, efficiency, females, genetic gain

3.1 Introdução

O Nelore se destaca nos sistemas de produção tropicais devido a suas características genéticas e biológicas únicas, evidenciando notável adaptabilidade a ambientes desafiadores (Turner, 1980; Costa *et al.*, 2019). No contexto da pecuária bovina, que é uma das principais atividades econômicas do Brasil, com o segundo maior rebanho global, movimentando aproximadamente 1,02 trilhão de reais em 2022 (ABIEC, 2023), o Nelore passou por um robusto processo de melhoramento genético voltado principalmente para a produção de carne.

Em programas de melhoramento genético, as características ponderais em idades específicas, como 210, 365 e 450 dias, são criteriosamente utilizadas devido à sua notável responsividade à seleção e valor econômico (Gunski *et al.*, 2001; Gonçalves *et al.*, 2011; Nieto *et al.*, 2013; Barbosa *et al.*, 2017; Evangelista *et al.*, 2020). Estas idades, próximas a eventos importantes de manejo, são realistas para modelos de seleção e de fácil medição, representando critérios eficientes e econômicos (Manuel *et al.*, 2019). A avaliação da carcaça, com destaque para a AOL, EG e EGP8, é fundamental para a qualidade e palatabilidade da carne, sendo a seleção genética nessas características essencial para o aprimoramento da produção bovina (Silva-Vignato *et al.*, 2017; Bridi e Constantino, 2009; Sugisawa *et al.*, 2013).

Ademais, a seleção direcionada à STAY cumpre uma atribuição crítica na aplicação do progresso genético em outras características de expressivo mérito econômico, pois viabiliza o aumento do contingente de animais disponíveis para seleção, resultando em uma notável intensificação na escolha de indivíduos com vistas a otimizar outras características ampliando o leque de animais disponíveis para seleção (Oliveira *et al.*, 2020). A compreensão das correlações genéticas entre estas características é vital, não apenas para a formulação de índices de seleção, mas também para a predição do comportamento de uma característica com base em parâmetros obtidos para outra (Lira *et al.*, 2008), contribuindo assim para a melhoria genética do rebanho Nelore. Neste estudo, a análise bicaracterística com abordagem Bayesiana visa estabelecer estimativas precisas dessas correlações entre STAY48, 54, 72 e AOL, EG, EGP8, P210, P365 e P450, bem como os ganhos genéticos,

resposta correlacionada e eficiência relativa de seleção, análises fundamentais para aprimorar a genética (Ochsner *et al.*, 2017), e a produção de bovinos Nelore.

3.2 Material e métodos

3.2.1 Dados fenotípicos

O banco de dados refere-se a fêmeas de reprodução *Bos indicus* da raça Nelore compreendendo registros de fazendas, resultantes do banco de dados da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). O pedigree completo continha um total de 94.703 registros. Foram conduzidas análises tricaracterísticas, onde a característica "âncora" foi o peso padronizado aos 450 dias (P450), que foi associado com características de carcaça, como área do olho de lombo (AOL), espessura da gordura subcutânea no lombo (EG) e espessura da gordura subcutânea na picanha (EGP8), bem como peso padronizado aos 210 dias (P210) e aos 365 dias (P365). Além disso, foram incluídas *stayability* aos 48 meses (STAY48), aos 54 meses (STAY54) e aos 72 meses (STAY72).

Para STAY48 e STAY54 as fêmeas foram desafiadas precocemente, sendo 1 atribuído a falha, ou seja, fêmeas precoces que não tiveram três partos com três bezerros desmamados até os respectivos meses definidos, e 2 atribuído ao sucesso, fêmeas que desmamaram pelo menos três bezerros até os respectivos meses. Enquanto STAY72 incluiu todas as fêmeas, não somente as precoces, sendo atribuído 1 para indicar fracasso (desmamou menos de três bezerros) e 2 indicando sucesso (desmamou três ou mais bezerros). O valor zero foi assumido para dados ausentes.

A estruturação do banco de dados foi realizada, inicialmente, no programa R, versão 4.2.3. O banco de fenótipos foi dividido em 28 arquivos de dados, sendo um para cada uma das tricaracterísticas analisadas (P450-AOL-STAY48, P450-AOL-STAY54, P450-AOL-STAY72, P450-EG-STAY48, P450-EG-STAY54, P450-EG-STAY72, P450-EGP8-STAY48, P450-EGP8-STAY54, P450-EGP8-STAY72, P450-STAY48-P365, P450-STAY54-P365, P450-STAY72-P365, P450-STAY48-STAY54, P450-STAY48-STAY72, P450-STAY54-STAY72, P450-P365-AOL, P450-P365-EG,

P450-P365-EGP8, P450-AOL-EG, P450-AOL-EGP8, P450-EG-EGP8, P450-STAY48-P210, P450-STAY54-P210, P450-STAY72-P210, P450-P210-AOL, P450-P210-EG, P450-P210-EGP8, P450-P365-P210). Os grupos contemporâneos (GC) foram constituídos pela combinação do ano, fazenda de nascimento da fêmea e lote de manejo e previamente definidos pela ANCP. Foram eliminados da análise animais pertencentes a grupos contemporâneos com menos de três registros.

Foram utilizados como efeitos sistemáticos os GCs e a idade linear e quadrática da mãe (P210) e a idade do animal (AOL, EG e EGP8). A Tabela 1 apresenta as estatísticas descritivas dos dados.

Tabela 1. Número de registros (N), categorias de resposta classificadas em 1 (n1) e 2 (n2), coeficiente de variação (CV%), valores máximos e mínimos obtidos para cada característica a partir da análise multicaracterísticas.

	N	Categoria		CV (%)	Máximo	Mínimo
		n1	n2			
STAY72	20.254	8.843	11.411	31,72	2,00	1,00
STAY54	29.537	21.720	7.817	34,88	2,00	1,00
STAY48	29.537	27.263	2.274	24,75	2,00	1,00
P210 (kg)	18.506	-	-	11,33	295,00	99,00
P365 (kg)	20.572	-	-	12,81	479,00	159,00
P450 (kg)	21.733	-	-	12,78	526,00	188,00
AOL (cm ²)	5.968	-	-	6,81	69,00	54,00
EG (mm)	7.080	-	-	24,42	7,00	3,00
EGP8 (mm)	10.498	-	-	32,07	11,00	2,00

STAY48 = *stayability* aos 48 meses; STAY54 = aos 54 meses e STAY72 = *stayability* aos 72 meses; P210 = peso padronizado aos 210 dias; P365 = peso padronizado aos 365 dias; P450 = peso padronizado aos 450 dias; AOL = área do olho de lombo; EG = espessura da gordura subcutânea no lombo; EGP8 = espessura da gordura subcutânea na picanha; para STAY48 e STAY54: n1 = falha (que

não tiveram três partos com três bezerros desmamados), e n_2 = sucesso (desmamaram pelo menos três bezerro); para STAY72: n_1 = fracasso (desmamou menos de três bezerros), n_2 = sucesso (desmamou três ou mais bezerros).

3.2.2 Análises estatísticas

Para a obtenção dos componentes de variâncias, as análises foram conduzidas com os programas da família BLUPF90 (Misztal, 2022), incluindo registros de fenótipo e *pedigree*. Primeiro, foi usado o programa RENUMF90 para renumerar os animais, e criar os arquivos de fenótipos e *pedigree* no formato de entrada para os programas posteriores. O modelo animal utilizado foi proposto por Mrode e Thompson, 2005, sendo (1) para P450-P210-AOL, P450-P210-EG, P450-P210-EGP8 e P450-P365-P210, tricaracterísticas que associam a P210 considerando o efeito materno sobre essa característica e (2) para P450-P365-AOL, P450-P365-EG, P450-P365-EGP8, P450-AOL-EG, P450-AOL-EGP8 e P450-EG-EGP8, tricaracterísticas que não consideram o efeito materno em nenhuma das características:

$$y = X\beta + Zu + Zm + Zc + \varepsilon, (1)$$

$$y = X\beta + Zu + \varepsilon (2)$$

onde y é o vetor das características observadas, β e u são vetores de efeitos sistemáticos (GC, idade da fêmea, linear e quadrática (P210) e idade do animal (AOL, EG e EGP8)) e aleatórios genéticos aditivos direto, respectivamente, m é o vetor de efeitos genéticos aditivos maternos, c é o vetor de efeitos de ambiente permanente materno, ε é o vetor de efeitos residuais, X é a matriz de incidência relacionando os fenótipos a efeitos sistemáticos, Z é a matriz de incidência relacionando animais aos fenótipos e ε é o vetor de resíduos. Foi assumido que a escala subjacente tem uma distribuição normal:

$$u|\theta \sim N(W\theta, R),$$

onde u é um vetor de escala subjacente com ordem r (r é o número de animais); $\theta' = (\beta', g')$ é o vetor de parâmetros com ordem s (é o número de efeitos no modelo), onde β é um vetor de efeitos sistemáticos (GC, idade da fêmea linear e quadrática (P210) e idade do animal (AOL, EG e EGP8)) com ordem s , e g é o efeito aleatório genético aditivo; W é a matriz de incidência com ordem r por s ; R é a matriz de variância residual dada por $I\sigma_e^2$, onde I é a matriz identidade com ordem igual ao número de animais avaliados e σ_e^2 é a variância residual das características analisadas.

Para as análises das tricaracterísticas sob um modelo linear de limiar (P450-AOL-STAY48, P450-AOL-STAY54, P450-AOL-STAY72, P450-EG-STAY48, P450-EG-STAY54, P450-EG-STAY72, P450-EGP8-STAY48, P450-EGP8-STAY54, P450-EGP8-STAY72, P450-STAY48-P365, P450-STAY54-P365, P450-STAY72-P365, P450-STAY48-STAY54, P450-STAY48-STAY72, P450-STAY54-STAY72, P450-STAY48-P210, P450-STAY54-P210 e P450-STAY72-P210) foi assumido que a escala subjacente tem uma distribuição normal da seguinte forma, sendo (1) para as tricaracterísticas que não possuem a P210, pois o modelo não considera o efeito materno em nenhuma das características e (2) para as tricaracterísticas que associam a P210, esse modelo considera o efeito materno sobre essa característica:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \beta_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ u_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix} \quad (1)$$

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \beta_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ u_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} 0_1 & 0 & 0 \\ 0 & M_2 & 0 \\ 0 & 0 & 0_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0_1 \\ mat_2 \\ 0_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} 0_1 & 0 & 0 \\ 0 & C_2 & 0 \\ 0 & 0 & 0_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0_1 \\ mpe_2 \\ 0_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix} \quad (2)$$

onde y_1 é o vetor de observações para a P450; y_2 e y_3 é o vetor de observações para as características ponderais, de carcaça e de limiar (P210, P365, AOL, EG, EGP8,

STAY48, STAY54 e STAY72), β é o vetor de efeitos sistemáticos (GC, idade da fêmea ao parto como covariável linear e quadrática (P210) e idade do animal (AOL, EG e EGP8)); u é o vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos direto, mat é o vetor de efeitos genéticos maternos (P210), mpe é o vetor de efeito de ambiente permanente materno (P210) e \mathbf{X} , \mathbf{Z} são as matrizes de incidência para os vetores β , u e \mathbf{M} é a matriz de incidência relacionando os fenótipos aos efeitos genéticos aditivos maternos (P210), \mathbf{C} é a matriz de incidência relacionando os fenótipos aos efeitos de ambiente permanente materno (P210).

As distribuições *a priori* necessárias para a análise Bayesiana foram definidas da seguinte forma: β assumindo uma distribuição uniforme (*a priori* não informativa); $u|\Sigma_u \sim N(0, A \otimes \Sigma_u)$, onde \mathbf{A} é a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright e Σ_u é a matriz de (co)variância genética aditiva direta; $mat|\Sigma_{mat} \sim N(0, A \otimes \Sigma_{mat})$, onde \mathbf{A} é a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright e Σ_{mat} é a matriz de (co)variância genética materna; $mpe|\Sigma_{mpe} \sim N(0, A \otimes \Sigma_{mpe})$, onde \mathbf{A} é a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright e Σ_{mpe} é a matriz de (co)variância de ambiente permanente materno; $e|\Sigma_e \sim N(0, I \otimes \Sigma_e)$, onde \mathbf{I} e Σ_e são as matrizes de identidade e de (co)variância residual, respectivamente. Uma distribuição Wishart inversa foi adotada como distribuição *a priori* para ambas as matrizes de (co)variância, Σ_u , Σ_{mat} , Σ_{mpe} e Σ_e . A distribuição de dados para as STAY48, STAY54 e STAY72 (com apenas duas classes possíveis, 1 e 2) foi assumida como sendo:

$$f(\mathbf{y}|\mathbf{l}, \beta, \mathbf{u}, \Sigma_u, \Sigma_{mat}, \Sigma_{mpe}, \Sigma_e, \tau) = \prod_{i=1}^n f(y_i | l_i) = \prod_{i=1}^n I(l_i < \tau)I(y_i = 1) + (l_i > \tau)I(y_i = 2),$$

onde τ é o valor limite que define as duas categorias de resposta (1 e 2).

Para todas as análises bicaracterísticas foram utilizadas de 1.000.000 a 1.500.000 iterações da simulação de Monte Carlo em cadeia de Markov (MCMC) considerando um período de *burn-in* de 500.000 a 750.000 e um intervalo de amostragem (*thin*) de 100 a 250 ciclos. A convergência e a distribuição das amostras foram avaliadas por meio de inspeção gráfica através do pacote "BOA" — "Bayesian

Output Analysis” do software R (Smith, 2007), além do critério de Geweke (Geweke, 1992).

3.2.3 Ganho genético e resposta correlacionada

O ganho genético e a resposta correlacionada esperada foram calculados para as características de STAYs com as características ponderais e de carcaça, considerando a mesma intensidade de seleção (1,0). As fórmulas usadas podem ser representadas como segue:

$$\begin{aligned}\Delta G_k &= i \cdot \sigma_{pk} \cdot h_k^2 \\ RC_{k-j} &= r_{ak-j} \cdot h_k \cdot h_j \cdot i \cdot \sigma_{pj} \\ ER_{k-j} &= \left(\frac{RC_{k-j}}{\Delta G_k} \right) \times 100,\end{aligned}$$

em que: ΔG_k é o ganho genético previsto baseado na seleção direta para as características de interesse, k se refere as características sob seleção (P450, STAY48, STAY54 e STAY72); i é a intensidade de seleção; σ_{pk} é o desvio padrão fenotípico da característica sob seleção; h_k^2 é a herdabilidade da característica sob seleção; j se refere às características AOL, EG, EGP8 (carcaça), P210, P365 (ponderais) e STAY48, STAY54 e STAY72 (*stayability*); RC_{k-j} é a resposta correlacionada obtida para P450 e as diferentes STAYs, mediante seleção indireta para AOL, EG, EGP8, P210, P365, STAY48, STAY54 e STAY72; r_{ak-j} é a correlação genética entre as características sob seleção e as características ponderais (P210 e P365), de carcaça (AOL, EG e EGP8) e as diferentes STAYs; h_j e h_k são as raízes quadradas da herdabilidade (h^2) de j e de k , respectivamente; σ_{pj} é o desvio padrão fenotípico de j ; ER_{k-j} refere-se a eficiência relativa da seleção indireta para P450 e as diferentes STAYs em relação à resposta direta para P450 e as diferentes STAYs.

3.3 Resultados e discussão

Os componentes de variância, correlações genéticas, desvio padrão posteriores e intervalos de densidade probabilidade *a posteriori* 95% (HPD95) estão apresentados na Tabela 2.

Tabela 2. Estimativas de correlação genética e correlações residuais com seus respectivos desvios padrão (DP) e intervalo de maior densidade posterior (HPD95, entre colchetes) obtidos por análises multicaracterísticas.

Modelo multicaracterística								
Características			$r_{g_{12}}$	$r_{g_{13}}$	$r_{g_{23}}$	$r_{e_{12}}$	$r_{e_{13}}$	$r_{e_{23}}$
1	2	3						
			-	-	-	-	-	-
P450	STAY48	P365	-0,278 (0,103)	0,986 (0,005)	-0,324 (0,100)	0,173 (0,028)	0,814 (0,006)	0,150 (0,027)
			[-0,474;-0,090]	[0,978;0,995]	[-0,506;-0,129]	[0,120;0,229]	[0,801;0,827]	[0,096;0,200]
		AOL	-0,279 (0,108)	0,182 (0,117)	0,036 (0,152)	0,165 (0,028)	0,308 (0,034)	-0,015 (0,032)
			[-0,481;0,055]	[-0,047;0,413]	[-0,240;0,363]	[0,111;0,219]	[0,244;0,374]	[-0,076;0,049]
		EG	-0,302 (0,118)	0,019 (0,101)	0,259 (0,131)	0,166 (0,034)	0,164 (0,033)	0,035 (0,031)
			[-0,524;-0,065]	[-0,170;0,211]	[0,018;0,514]	[0,106;0,221]	[0,101;0,230]	[-0,023;0,097]
		EGP8	-0,270 (0,110)	0,023 (0,063)	0,272 (0,108)	0,158 (0,028)	0,242 (0,032)	0,071 (0,032)
			[-0,488;-0,072]	[-0,102;0,145]	[0,072;0,482]	[0,106;0,215]	[0,181;0,307]	[0,007;0,132]
		STAY54	-0,330 (0,102)	-0,114 (0,085)	0,838 (0,054)	0,158 (0,028)	0,085 (0,023)	0,987 (0,005)
			[-0,512;-0,119]	[-0,285;0,048]	[0,737;0,942]	[0,103;0,210]	[0,041;0,131]	[0,976;0,997]

P450	STAY72	-0,283 (0,156)	0,029 (0,097)	0,599 (0,323)	0,168 (0,076)	0,074 (0,082)	0,980 (0,041)
		[-0,554;-0,001]	[-0,142;0,224]	[-0,405;0,848]	[0,091;0,264]	[-0,020;0,162]	[0,969;0,999]
	P365	-	-	-	-	-	-
		-0,176 (0,079)	0,986 (0,005)	-0,221 (0,079)	0,101 (0,022)	0,814 (0,006)	0,107 (0,021)
	AOL	[-0,319;-0,018]	[0,977;0,995]	[-0,372;-0,070]	[0,058;0,142]	[0,801;0,826]	[0,064;0,145]
		-0,129 (0,087)	0,183 (0,118)	-0,001 (0,129)	0,088 (0,022)	0,309 (0,034)	0,020 (0,025)
	EG	[-0,294;0,043]	[-0,041;0,425]	[-0,246;0,254]	[0,045;0,131]	[0,244;0,376]	[-0,027;0,073]
		-0,147 (0,089)	0,027 (0,101)	0,149 (0,108)	0,092 (0,023)	0,162 (0,033)	0,037 (0,024)
	EGP8	[-0,317;0,029]	[-0,162;0,220]	[-0,074;0,356]	[0,045;0,135]	[0,097;0,227]	[-0,011;0,084]
		-0,131 (0,087)	0,030 (0,063)	0,168 (0,088)	0,088 (0,022)	0,239 (0,032)	0,080 (0,026)
	STAY72	[-0,300;0,036]	[-0,098;0,150]	[-0,011;0,327]	[0,044;0,130]	[0,176;0,304]	[0,030;0,131]
		-0,157 (0,098)	0,079 (0,097)	0,823 (0,130)	0,087 (0,026)	0,069 (0,033)	0,997 (0,002)
STAY72	[-0,351;0,032]	[-0,113;0,259]	[0,465;0,938]	[0,039;0,141]	[0,006;0,131]	[0,993;1,000]	
	-	-	-	-	-	-	
P450	STAY72	0,009 (0,079)	0,985 (0,004)	0,011 (0,080)	0,090 (0,027)	0,815 (0,006)	0,081 (0,026)
	P365	[-0,139;0,171]	[0,978;0,993]	[-0,152;0,163]	[0,037;0,144]	[0,802;0,827]	[0,029;0,131]

		AOL	0,032 (0,085) [-0,128;0,198]	0,171 (0,105) [-0,044;0,367]	-0,034 (0,134) [-0,283;0,243]	0,092 (0,028) [0,039;0,146]	0,311 (0,032) [0,251;0,377]	0,062 (0,034) [-0,003;0,130]
		EG	0,026 (0,085) [-0,137;0,194]	0,019 (0,098) [-0,171;0,206]	0,042 (0,127) [-0,224;0,276]	0,094 (0,028) [0,042;0,151]	0,165 (0,032) [0,100;0,227]	0,061 (0,034) [-0,005;0,129]
		EGP8	0,011 (0,089) [-0,173;0,176]	0,025 (0,062) [-0,097;0,147]	0,108 (0,089) [-0,063;0,278]	0,098 (0,029) [0,042;0,157]	0,241 (0,032) [0,180;0,304]	0,083 (0,034) [0,016;0,147]
P450	P365	AOL	0,985 (0,004) [0,977;0,992]	0,228 (0,107) [0,013;0,425]	0,221 (0,108) [0,003;0,416]	0,814 (0,007) [0,801;0,827]	0,299 (0,033) [0,234;0,362]	0,271 (0,031) [0,211;0,334]
		EG	0,985 (0,005) [0,978;0,996]	0,009 (0,094) [-0,174;0,188]	0,011 (0,093) [-0,167;0,189]	0,815 (0,007) [0,802;0,828]	0,177 (0,032) [0,115;0,240]	0,156 (0,031) [0,096;0,215]
		EGP8	0,984 (0,005) [0,975;0,993]	0,018 (0,062) [-0,106;0,131]	0,037 (0,064) [-0,095;0,156]	0,817 (0,006) [0,803;0,829]	0,252 (0,032) [0,185;0,312]	0,213 (0,031) [0,152;0,277]
P450	AOL	EG	0,170 (0,110) [-0,041;0,386]	-0,005 (0,095) [-0,193;0,179]	-0,193 (0,134) [-0,455;0,072]	0,307 (0,032) [0,242;0,368]	0,160 (0,032) [0,094;0,222]	0,154 (0,031) [0,097;0,017]
		EGP8	0,193 (0,113)	0,025 (0,061)	-0,040 (0,104)	0,304 (0,032)	0,230 (0,031)	0,168 (0,033)

			[-0,018;0,410]	[-0,094;0,142]	[-0,237;0,148]	[0,241;0,368]	[0,170;0,292]	[0,106;0,235]
P450	EG	EGP8	0,082 (0,081)	0,033 (0,062)	0,660 (0,058)	0,173 (0,032)	0,235 (0,031)	0,405 (0,027)
			[-0,084;0,237]	[-0,089;0,162]	[0,545;0,773]	[0,112;0,237]	[0,174;0,298]	[0,351;0,456]

$r_{g_{12}}$ = correlação genética entre a P450 e P210, P365, AOL, EG e EGP8; $r_{e_{12}}$ = correlação residual entre a P450 e P210, P365, AOL, EG e EGP8; $r_{g_{13}}$ = correlação genética entre a P450 e as características 3 (P210, P365, STAY48, STAY54, STAY72, AOL, EG e EGP8); $r_{e_{13}}$ = correlação residual entre a P450 e as características 3 (P210, P365, STAY48, STAY54, STAY72, AOL, EG e EGP8); $r_{g_{23}}$ = correlação genética entre as características 2 (STAY48, STAY54, STAY72, P365, AOL e EG) e as características 3 (P210, P365, STAY48, STAY54, STAY72, AOL, EG e EGP8); $r_{e_{23}}$ = correlação residual entre as características 2 (STAY48, STAY54, STAY72, P365, AOL e EG) e as características 3 (P210, P365, STAY48, STAY54, STAY72, AOL, EG e EGP8); STAY48 = *stayability* aos 48 meses; STAY54 = aos 54 meses e STAY72 = *stayability* aos 72 meses; P210 = peso padronizado aos 210 dias; P365 = peso padronizado aos 365 dias; P450 = peso padronizado aos 450 dias; AOL = área do olho de lombo; EG = espessura da gordura subcutânea no lombo; EGP8 = espessura da gordura subcutânea na picanha.

3.3.1 Estimativas de correlações

As correlações genéticas estimadas entre as STAY48-STAY54, STAY48-STAY72, STAY54-STAY72, P450-P365 e EG-EGP8 foram altas (Tabela 2, Figuras Suplementar S5b, S6, S7, S8a, S9b, S10 e S11). As correlações genéticas entre P450-STAY48, P450-STAY54, STAY48-P365, STAY72-AOL e AOL-EG (Figuras Suplementar S1, S5, S6a e S8b), foram negativas e de baixa magnitude (-0,330 a -0,193). Já os valores das correlações genéticas entre P450-AOL (Figura Suplementar S4, S5a, S8b, S9a e S10a) foram positivas e de baixa magnitude (0,171 a 0,228) (Tabela 2). Kluska *et al.* (2018) relataram resultados inferiores ao encontrado no presente estudo (0,04).

Em geral, a P450 foi mais fortemente correlacionada com P365, AOL, EG, STAY48, STAY54 e STAY72 (-0,330 a 0,986) em comparação a EGP8 (0,018 a 0,033). As correlações genéticas entre STAY48, STAY54, STAY72 e EG com P450 (Tabela 2) revelaram valores negativos, já as estimativas de correlações genéticas de P450 com AOL foram positivas e de baixa magnitude (Tabela 2), indicando que a seleção para aumentar AOL pode resultar em um pequeno aumento da P450. No contexto da P450, a menor correlação genética relatada foi P450-EGP8 (0,018) indicando uma associação praticamente nula. Já a P365 se correlacionou mais fortemente com AOL (0,228) quando comparado a EG e EGP8 (0,009 e 0,018, respectivamente).

Em geral, a STAY48 foi mais fortemente correlacionada com P365, P450, EG, EGP8, STAY54 e STAY72 (-0,324 a 0,838) em comparação a AOL (0,036). A correlação genética entre P365 e P450 com STAY48 (Tabela 2) revelaram valores negativos, já as estimativas de correlações genéticas de STAY48 com EG, EGP8 e STAY72 foram positivas e de baixa magnitude (Tabela 2), indicando que a seleção para aumentar EG, EGP8 e STAY72 pode resultar em um pequeno aumento da STAY48. Já a STAY54 se correlacionou mais fortemente com P365, P450, EGP8, STAY54 e STAY72 (-0,372 a 0,823) quando comparado a AOL (-0,001).

E para STAY72 correlações mais fortes foram estimadas com EGP8 (0,108). As estimativas de correlações genéticas entre STAY72-P365 e STAY72-AOL (Tabela

2) revelaram valores negativos e entre STAY72 com EG a correlação foi positiva e baixa, indicando que a seleção para aumentar EG pode resultar em um pequeno aumento da STAY72.

E para AOL a correlação mais forte foi estimada com EG (-0,193) e revelou valor negativo (Tabela 2) indicando que a seleção para aumentar EG pode resultar em uma pequena redução da STAY72. A correlação genética entre EG e EGP8 foi positiva e de alta magnitude (0,660), visto que são características que mantem relação entre si, dessa forma, selecionando para EG haverá aumento na EGP8.

Outras correlações genéticas negativas de baixa magnitude foram encontradas entre a P450 e STAY48 e STAY54 (Tabela 2, -0,330 a -0,129), STAY48 e P365 (-0,324), STAY54 e P365 (-0,221) (Tabela 2) apresentando padrão semelhante. Os resultados sugerem que a seleção para o aumento das características ponderais teria impacto limitado nas STAYs. Buzanskas *et al.* (2010) e Santana *et al.* (2013) relataram correlações próximas a zero entre STAY72 e peso ao sobreano (P365, P450, P550), variando de -0,02 a -0,09 para animais das raças Nelore e Canchim, respectivamente, enquanto correlações positivas foram relatadas, variando de 0,01 a 0,18 (Silva *et al.*, 2006; Kluska *et al.*, 2018; Ramos *et al.*, 2021).

Em relação a STAY48 associada a AOL, observou-se correlação genética positiva e de baixa magnitude marginalmente próxima de zero (0,036). Kluska *et al.* (2018) relataram uma correlação genética de 0,05. Em contraste, as associações entre AOL e STAY54 e STAY72 revelaram valores negativos e de baixa magnitude variando *a posteriori* de (-0,001 a -0,034, respectivamente), sendo praticamente nula, resultados próximos ao valor encontrado por Boldt *et al.* (2017) de 0,01.

As estimativas de correlação residual obtidas para P450 associada com P365, AOL, EG, EGP8, STAY48, STAY54 e STAY72 variaram de 0,074 a 0,817. As correlações residuais para as STAYs associadas entre si e com AOL, EG, EGP8 e P365 variaram de -0,015 a 0,997. Esses resultados foram também semelhantes aos relatados anteriormente para bovinos Nelores (Zuin *et al.*, 2012; Caetano *et al.*, 2013; Almeida, 2022). Para P365 associado a AOL, EG e EGP8 foram positivas e de baixa magnitude (0,156 a 0,271) e para AOL-EG, AOL-EGP8 e EG-EGP8 variaram de (0,154 a 0,405). Isso indica que o efeito da variância residual deve ser considerado no

modelo. Em geral, as correlações genéticas foram mais fortes do que as correlações residuais. A magnitude baixa a alta de correlações genéticas e residuais indica que fatores semelhantes, como manejo e nutrição, afetam a produção de maneira semelhante (Lázaro *et al.*, 2021).

As correlações genéticas e residuais para P450 associada com P210 não foram obtidas, pois os dados não convergiram durante a análise sugerindo que o modelo não foi suficiente para explicar a relação entre P210 e as outras características estudadas.

3.3.2 Ganhos genéticos e resposta correlacionada

Os ganhos genéticos para a P450, por meio de seleção indireta para P365, AOL, EG, EGP8, STAY48, STAY54 e STAY72; STAY48, por meio de seleção indireta para P210, P365, AOL, EG, EGP8, STAY54 e STAY72; STAY54 por meio de seleção indireta para P210, P365, AOL, EG, EGP8 e STAY72; STAY72 por meio da seleção indireta para P210, P35, AOL, EG e EGP8, bem como a eficiência relativa de seleção estão apresentadas na Tabela 3.

Tabela 3. Estimativas de ganho genético em meses (ΔG), resposta correlacionada (RC) e eficiência relativa de seleção (ER) para P450, STAY (48, 54 e 72) em relação à AOL, EG, EGP8, P210, P365 e STAY48, STAY54 e STAY72.

	CARACTERÍSTICAS	ΔG (P450)	RC	ER (%)
P450	EG	9,837	0,327	3,323
	EGP8	9,837	0,262	2,664
	AOL	9,837	1,065	10,832
	P365	9,837	9,272	94,253
	STAY48	9,837	1,444	14,683
	STAY54	9,837	0,774	7,866

	STAY72	9,837	0,125	1,274
	CARACTERÍSTICAS	ΔG (STAY48)	RC	ER (%)
STAY48	EG	0,118	0,041	34,923
	EGP8	0,118	0,063	53,149
	AOL	0,118	0,005	3,914
	P365	0,118	0,070	59,422
	STAY54	0,118	0,103	87,526
	STAY72	0,118	0,090	76,624
	CARACTERÍSTICAS	ΔG (STAY54)	RC	ER (%)
STAY54	EG	0,128	0,025	19,236
	EGP8	0,128	0,040	31,430
	AOL	0,128	0,000	0,104
	P365	0,128	0,050	38,806
	STAY72	0,128	0,129	100,796
	CARACTERÍSTICAS	ΔG (STAY72)	RC	ER (%)
STAY72	EG	0,413	0,018	4,427
	EGP8	0,413	0,068	16,497
	AOL	0,413	0,012	2,889
	P365	0,413	0,006	1,577

STAY48 = *stayability* aos 48 meses; STAY54 = aos 54 meses e STAY72 = *stayability* aos 72 meses; P210 = peso padronizado aos 210 dias; P365 = peso padronizado aos 365 dias; P450 = peso padronizado aos 450 dias; AOL = área do olho de lombo; EG = espessura da gordura subcutânea no lombo; EGP8 = espessura da gordura subcutânea na picanha.

O ganho genético para P450 foi de 9,837 kg através da seleção direta, contudo por meio da resposta correlacionada através da seleção indireta para EG, EGP8, AOL, STAY48, STAY54, STAY72 e P365 obtivemos estimativas variando de 0,125 a 9,272 kg (Tabela 3) resultando em uma eficiência relativa de seleção variando de 1,274 a 94,253%, ou seja, selecionando indiretamente para P450 através da EG, EGP8, AOL, STAY48, STAY54 e STAY72 o ganho será menor para P450. O que demonstra que a seleção indireta para P450 através de EG, EGP8, AOL, STAY48, STAY54 e STAY72

não foi eficiente quando comparada a seleção direta para P450, o que pode ser justificado devido baixa estimativa de correlação genética entre essas características (-0,330 a 0,182).

O ganho genético para STAY48 foi de 0,118 meses através da seleção direta, contudo por meio da resposta correlacionada através da seleção indireta para EG, EGP8 e AOL obtivemos estimativas variando de 0,005 a 0,103 meses (Tabela 3) resultando em uma eficiência relativa de seleção variando de 3,914 a 59,422%, ou seja, selecionando indiretamente para STAY48 através da EG, EGP8, AOL e P365 o ganho será menor para STAY48. O que demonstra que a seleção indireta para STAY48 através de EG, EGP8, AOL e P365 não foi eficiente quando comparada a seleção direta para STAY48, o que pode ser justificado devido baixa estimativa de correlação genética entre essas características (-0,324 a 0,272).

O ganho genético para STAY54 foi de 0,128 meses (Tabela 3) através da seleção direta, contudo por meio da resposta correlacionada através da seleção indireta para EG, EGP8, AOL e P365, obtivemos estimativas variando de 0,000 a 0,050 meses resultando em uma eficiência relativa de 0,104 a 38,8065%, assim, selecionando indiretamente a característica de STAY54 através da EG, EGP8, AOL e P365 o ganho genético será menor. Neste contexto, a seleção indireta através das características EG, EGP8, AOL e P365 não foi mais eficiente quando comparado a seleção direta para STAY54, principalmente devido à baixa estimativa de correlação genética entre as características, variando *a posteriori* (-0,221 a 0,168). Stefani et al. (2018) trabalhando com fêmeas bovinas da raça Holandesa relataram uma correlação negativa de baixa magnitude (-0,25) entre STAY60 e produção de leite inferindo que altas produções de leite estão associadas com a redução na STAY60 e a máxima eficiência relativa seria alcançada selecionando diretamente para STAY60. A seleção indireta para STAY54 através da STAY72 apresentou um ganho genético de 0,129 meses e uma eficiência relativa de 100,796%, ilustrando que a seleção indireta para STAY54 através da STAY72 é mais eficiente.

O ganho genético para STAY72 foi de 0,413 meses (Tabela 3) através da seleção direta, já por meio da resposta correlacionada através da seleção indireta para EG, EGP8, AOL e P365, obtivemos estimativas variando de 0,006 a 0,068 meses

resultando em uma eficiência relativa de 1,577 a 16,497%, assim, selecionando indiretamente para STAY72 através da EG, EGP8, AOL e P365 o ganho genético será menor. Portanto, a seleção indireta para EG, EGP8, AOL e P365 não foi mais eficiente que a seleção direta para STAY72, principalmente devido à baixa estimativa de correlação genética entre as características variando *a posteriori* de -0,034 a 0,108. Carvalho *et al.* (2023) trabalhando com búfalos leiteiros da raça Murrah e considerando a STAY como longevidade (LG) da fêmea no rebanho e produção de leite acumulada aos 305 dias (P305), reportaram uma correlação de 0,77 entre essas características e um incremento de 7% no ganho genético da LG sob seleção indireta para P305. Revelando que estimativas mais altas de correlação genética podem tornar a seleção indireta para características de baixa herdabilidade, mas que representam relevância econômica, viável influenciando no seu ganho genético.

3.4 Conclusão

A seleção indireta para P450 através das características, AOL, EG, EGP8, STAY48, STAY54 e STAY72 não contribuiria efetivamente para melhoria na P450, visto que as correlações genéticas entre essas características foram de baixa magnitude. Já para a seleção indireta para as diferentes STAYs através das características, AOL e EG não contribuiria efetivamente para melhoria nas STAYs, pois o ganho genético foi menor em relação à seleção direta para essas características. Contudo, a seleção para P365 e EGP8 deve resultar em mudanças nas STAYs bem como influenciá-las positivamente, pois apesar da baixa magnitude de correlação entre essas características o acabamento da carcaça influencia na condição corporal dos animais revelando-o como componente biológico importante. A resposta correlacionada para a P450 e as diferentes STAYs foi menor que os ganhos genéticos diretos sugerindo que os ganhos gerados pela seleção direta são maiores, porém, ainda assim, pode haver ganho indireto se os valores entre as respostas correlacionadas e ganhos genéticos forem intrinsecamente próximos. Portanto, o conhecimento das correlações genéticas e ganhos genéticos entre características de interesse econômico são fundamentais para direcionar os esforços empregados no

melhoramento genético animal, bem como orientar o produtor para otimizar seu rebanho tornando-o mais produtivo.

3.5 Referências bibliográficas

ABIEC. Beef REPORT – 2023. In: Associação das Indústrias Exportadoras de Carne. Disponível em: <<https://www.abiec.com.br/publicacoes/beef-report-2023>>. Acesso em: 01 nov. 2023.

Almeida, C. A. (2022) **Inclusão Da Informação Genômica Na Predição Dos Valores Genéticos Aditivos Para Características De Eficiência Alimentar E Reprodutivas Em Bovinos Da Raça Nelore**. 2022. Tese De Doutorado - Universidade De São Paulo.

Barbosa, A. C. B., Carneiro, P.L.S., Rezende, M.P.G., Ramos, I.O., Martins Filho, R., Malhado, C.H.M. (2017) Parâmetros genéticos para características de crescimento e reprodutivas em bovinos Nelore no Brasil. **Archivos de zootecnia**, v. 66, n. 255, p. 449-452.

Boldt, R. J., Speidel, S. E., Thomas, M. G., & Keenan, L. D. (2017). Genetic parameters for carcass traits and *stayability* in Red Angus cattle. **Journal of Animal Science**, 95, 89.

Bridi, A. M; Constantino, C. **Qualidade E Avaliação De Carcaças E Carnes Bovinas. Departamento De Zootecnia Da Universidade Estadual De Londrina** (2009). Disponível em: <http://Www.Uel.Br>Gpac>Arquivos>. Acesso Em: 15 jul. 2023.

Buzanskas, M. E., Pires, P.S., Chud, T.C.S., Bernardes, P.A., Rola, L.D., Savegnago, R.P., Lôbo, R.B., Munari, D.P. (2017) Parameter estimates for reproductive and carcass traits in Nelore beef cattle. **Theriogenology**, [s. l.], v. 92, p. 204–209. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.theriogenology.2016.09.057>.

Caetano, S. L. *et al.*. Estimates Of Genetic Parameters For Carcass, Growth And Reproductive Traits In Nellore Cattle. **Livestock Science**, [S. L.], V. 155, N. 1, P. 1–7, 2013. Disponível Em: <Http://Dx.Doi.Org/10.1016/J.Livsci.2013.04.004>.

Carvalho, I. S. D., Lázaro, S. F., Stefani, G., Silva, A. A., Silveira, K. R. D., Scalez, D. C. B., & Tonhati, H. (2023). Genetic parameters and association between longevity and milk production in buffaloes using the ssGBLUP method. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 52, e20220143.

Costa, E. V., Ventura, H.T., Veroneze, R., Silva, F.F., Pereira, M.A.,Lopes, P.S. (2019) Bayesian linear-threshold censored models for genetic evaluation of age at first calving and *stayability* in Nellore cattle. **Livestock Science**, [s. l.], v. 230, n. October, p. 103833.

Costa, R. M. Crescimento E Carcaça Em Bovinos Nelore. [S. L.], 2019. Costa, Raphael B. *et al.*. Genome-Wide Association Study Of Reproductive Traits In Nellore Heifers Using Bayesian Inference. **Genetics Selection Evolution**, [S. L.], V. 47, N. 1, P. 1–9, 2015. Disponível Em: [Http://Dx.Doi.Org/10.1186/S12711-015-0146-0](http://dx.doi.org/10.1186/S12711-015-0146-0).

Evangelista, A. F., Cavalcante, D. H., Malhado, C. H. M., Campelo, J. E. G., Carvalho, G., & Sousa Júnior, S. C. (2020). Estimação De Parâmetros Genéticos Para Características De Crescimento Em Bovinos Nelore Mocho Da Região Norte Do Brasil. **Livestock Research For Rural Development** ,[S/l], 32(10).

Geweke, J. Evaluating The Accuracy Of Sampling-Based Frameworkes To The Calculations Of Posterior Moments. **Bayesian Statistics**, V. 4, P. 641-649, 1992.

Gunski Rj, Garnero Av, Borjas Ar, Bezerra Laf, Lôbo Rb (2001) Estimativas De Parâmetros Genéticos Para Características Incluídas Em Critérios De Seleção Em Bovinos Nelore. **Ciência Rural** 31:603-607.

Gonçalves, F. M.; Pires, A. V.; Pereira, I. G.; Garcia, D. A.; Farah, M. M.; Meira, C. T.; Cruz, V. A. R. Avaliação Genética Para Peso Corporal Em Um Rebanho Nelore. **Arquivo Brasileiro De Medicina Veterinaria E Zootecnia**, [S. L.], V. 63, N. 1, P. 158–164, 2011.

Kluska, S., Olivieri, B. F., Bonamy, M., Chiaia, H. L. J., Feitosa, F. L. B., Berton, M. P., ... & Baldi, F. (2018). Estimates of genetic parameters for growth, reproductive, and carcass traits in Nelore cattle using the single step genomic BLUP procedure. **Livestock Science**, 216, 203-209.

Lázaro, S. F., Tonhati, H., Oliveira, H. R., Silva, A. A., Nascimento, A. V., Santos, D. J., ... & Brito, L. F. (2021). Genomic Studies Of Milk-Related Traits In Water Buffalo (*Bubalus Bubalis*) Based On Single-Step Genomic Best Linear Unbiased Prediction And Random Regression Models. **Journal Of Dairy Science**, 104(5), 5768-5793.

Lira, T., Rosa, E. M., & Garnero, A. D. V. (2008). Parâmetros genéticos de características produtivas e reprodutivas em zebuínos de corte (revisão). **Ciência Animal Brasileira**, 9(1), 1-22.

Manuel, M., Cavani, L., Menezes, T,J., Millen D.D., Andrighetto, C., Lupatini, G.C., Fonseca, R. (2019). **Desmama E Pós-Desmama Em Bovinos Brahman**. [S. L.], P. 274–280.

Ochsner, K. P., MacNeil, M. D., Lewis, R. M., & Spangler, M. L. (2017). Economic selection index development for Beefmaster cattle II: general-purpose breeding objective. **Journal of Animal Science**, 95(5), 1913-1920.

Oliveira, H.R., Brito, L.F., Miller, S.P., Schenkel, F.S. Using Random Regression Models To Genetically Evaluate Functional Longevity Traits In North American Angus Cattle. **Animals**, [S. L.], V. 10, N. 12, P. 1–30, 2020.

Ramos, Pedro Vital Brasil *et al.*. “*Stayability*” And Consecutive Rebreding Ability Associated To Carcass And Growth Traits In Brazilian Nelore Cattle: A Bayesian Framework. **Livestock Science**, [S. L.], V. 245, N. November 2020, P. 1–5, 2021.

Silva, J. I. V., Formigoni, I. B., Eler, J. P., & Ferraz, J. B. S. (2006). Genetic relationship among *stayability*, scrotal circumference and post-weaning weight in Nelore cattle. **Livestock Science**, 99(1), 51-59.

Silva-Vignato, B., Coutinho, L.L., Cesar, A.S.M., Poleti, M.D., Regitano, L.C.A., Balieiro, J.C.C. Comparative Muscle Transcriptome Associated With Carcass Traits Of Nelore Cattle. **Bmc Genomics**, [S. L.], V. 18, N. 1, P. 1–13, 2017.

Smith, Brian J. Boa: An R Package For Mcmc Output Convergence Assessment And Posterior Inference. **Journal Of Statistical Software**, [S. L.], V. 21, N. 11, P. 1–37, 2007.

Suguisawa, Liliane; Matos, B. C.; Suguisawa, Jorge Murilo. Uso Da Ultrassonografia Na Avaliação De Características De Carça E De Qualidade Da Carne. **Melhoramento Genético Aplicado Em Bovinos De Corte: Programa Geneplus-Embrapa. Rosa, An**, P. 97-107, 2013.

Turner, Jw Aspectos Genéticos E Biológicos Da Adaptabilidade Do Zebu. **Revista De Ciência Animal** , V. 6, Pág. 1201-1205, 1980.

Zuin, R. G., Buzanskas, M. E., Caetano, S. L., Venturini, G. C., Guidolin, D. G. F., Grossi, D. A., ... & Munari, D. P. (2012). Genetic analysis on growth and carcass traits in Nelore cattle. **Meat Science**, 91(3), 352-357.

Material suplementar

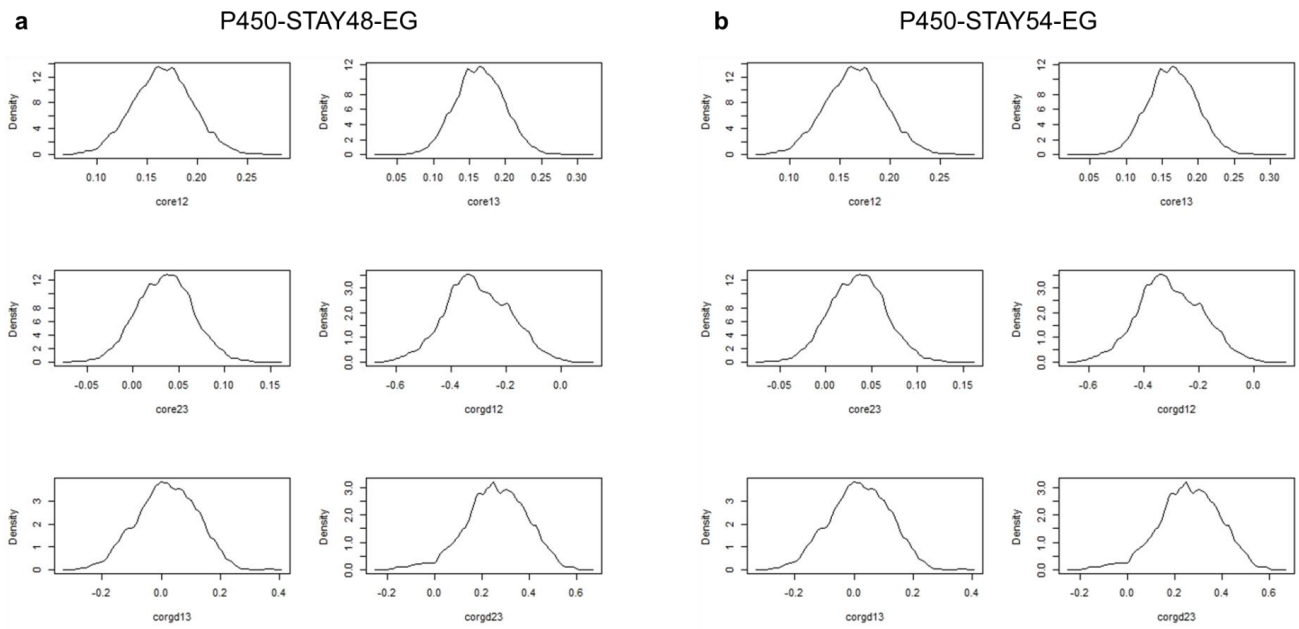


Figura S1. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), *stayability* aos 48 meses (STAY48) e espessura da gordura subcutânea no lombo (EG) (a), sendo corgd12 a

correlação genética direta entre P450 e STAY48, *corgd13* a correlação genética direta entre P450 e EG, *corgd23* a correlação genética direta entre STAY48 e EG, *core12* a correlação residual entre P450 e STAY48, *core13* a correlação residual entre P450 e EG, *core23* a correlação residual entre STAY48 e EG. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), *stayability* aos 54 meses (STAY54) e espessura da gordura subcutânea no lombo (EG) (**b**), sendo *corgd12* a correlação genética direta entre P450 e STAY54, *corgd13* a correlação genética direta entre P450 e EG, *corgd23* a correlação genética direta entre STAY54 e EG, *core12* a correlação residual entre P450 e STAY54, *core13* a correlação residual entre P450 e EG, *core23* a correlação residual entre STAY54 e EG.

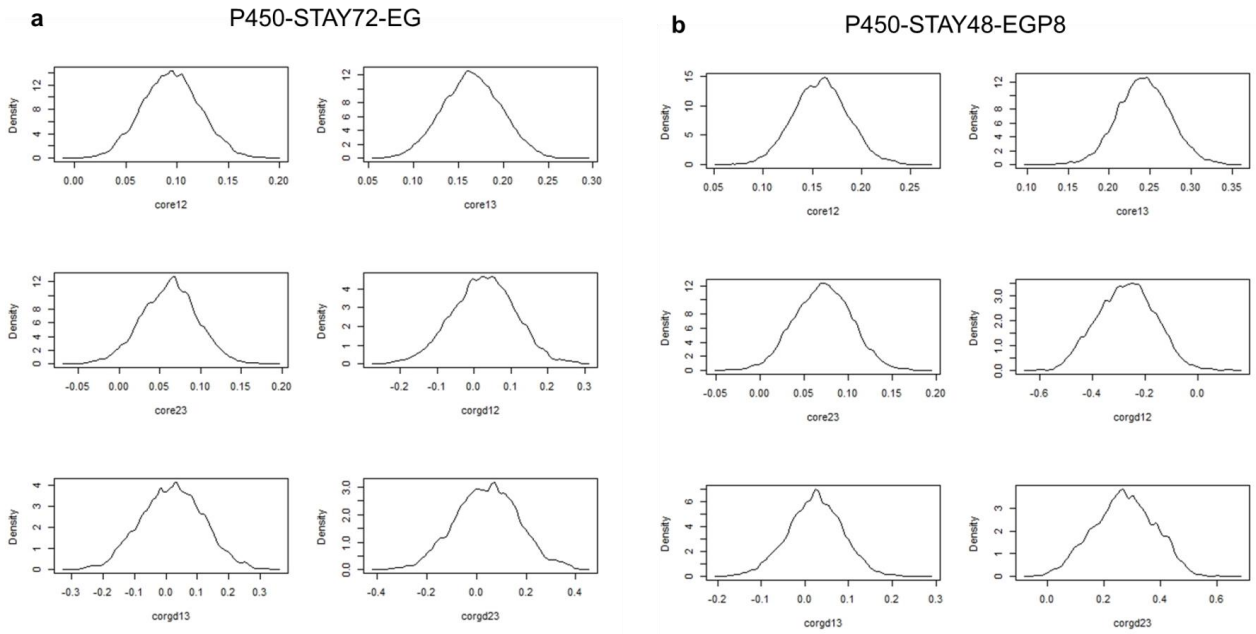


Figura S2. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), *stayability* aos 72 meses (STAY72) e espessura da gordura subcutânea no lombo (EG) (a), sendo corgd12 a correlação genética direta entre P450 e STAY72, corgd13 a correlação genética direta entre P450 e EG, corgd23 a correlação genética direta entre STAY72 e EG, core12 a correlação residual entre P450 e STAY72, core13 a correlação residual entre

P450 e EG, core23 a correlação residual entre STAY72 e EG. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), *stayability* aos 48 meses (STAY48) e espessura da gordura subcutânea na picanha (EGP8) (**b**), sendo corgd12 a correlação genética direta entre P450 e STAY48, corgd13 a correlação genética direta entre P450 e EGP8, corgd23 a correlação genética direta entre STAY48 e EGP8, core12 a correlação residual entre P450 e STAY48, core13 a correlação residual entre P450 e EGP8, core23 a correlação residual entre STAY48 e EGP8.

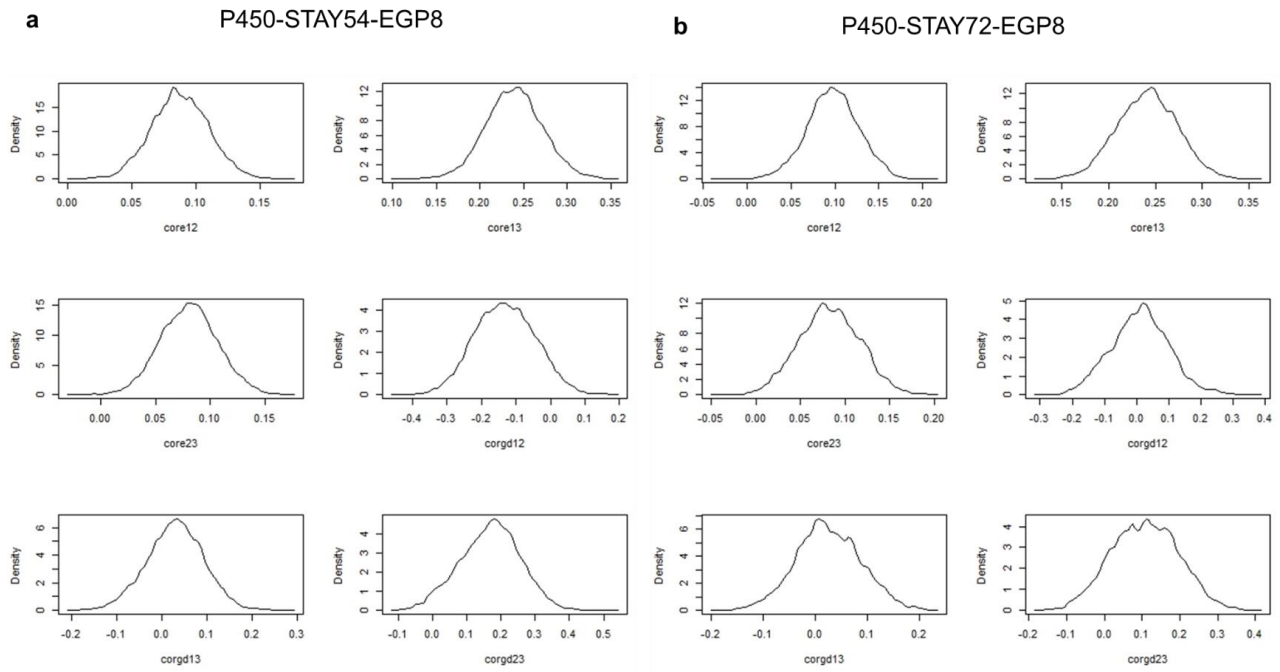


Figura S3. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), *stayability* aos 54 meses (STAY54) e espessura da gordura subcutânea na picanha (EGP8) (a), sendo corgd12 a correlação genética direta entre P450 e STAY54, corgd13 a correlação genética direta entre P450 e EGP8, corgd23 a correlação genética direta entre STAY54 e EGP8, core12 a correlação residual entre P450 e STAY54, core13 a correlação

residual entre P450 e EGP8, core23 a correlação residual entre STAY54 e EGP8. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), *stayability* aos 72 meses (STAY72) e espessura da gordura subcutânea na picanha (EGP8) (**b**), sendo corgd12 a correlação genética direta entre P450 e STAY72, corgd13 a correlação genética direta entre P450 e EGP8, corgd23 a correlação genética direta entre STAY72 e EGP8, core12 a correlação residual entre P450 e STAY72, core13 a correlação residual entre P450 e EGP8, core23 a correlação residual entre STAY72 e EGP8.

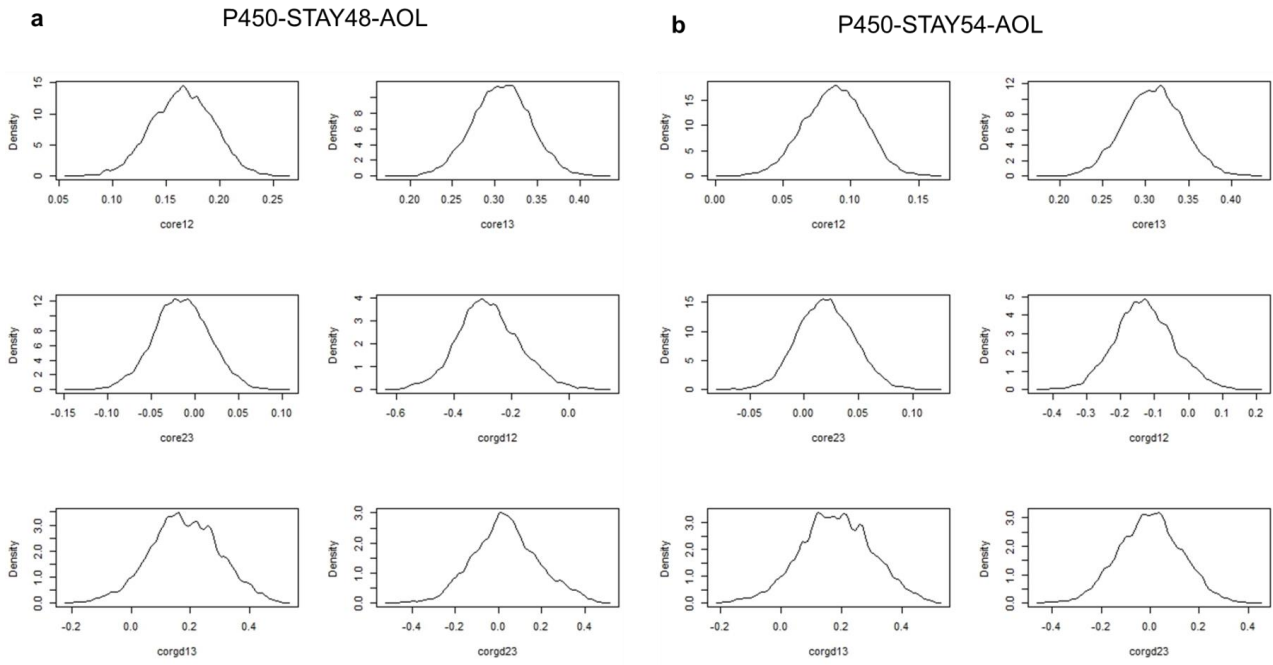


Figura S4. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), *stayability* aos 48 meses (STAY48) e área do lombo (AOL) (a), sendo corgd12 a correlação genética direta entre P450 e STAY48, corgd13 a correlação genética direta entre P450 e AOL, corgd23 a correlação genética direta

entre STAY48 e AOL, core12 a correlação residual entre P450 e STAY48, core13 a correlação residual entre P450 e AOL, core23 a correlação residual entre STAY48 e AOL. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), *stayability* aos 54 meses (STAY54) e área do olho de lombo (AOL) **(b)**, sendo corgd12 a correlação genética direta entre P450 e STAY54, corgd13 a correlação genética direta entre P450 e AOL, corgd23 a correlação genética direta entre STAY54 e AOL, core12 a correlação residual entre P450 e STAY54, core13 a correlação residual entre P450 e AOL, core23 a correlação residual entre STAY54 e AOL.

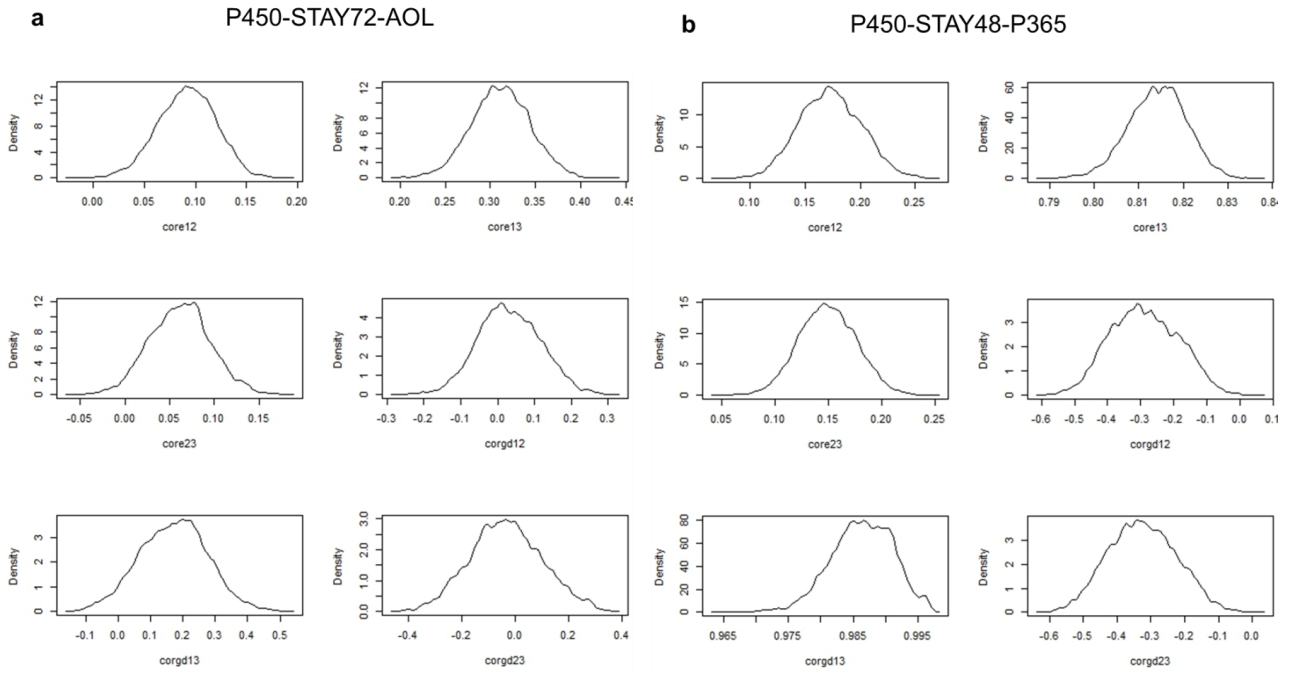


Figura S5. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), *stayability* aos 54 meses (STAY54) e área do olho de lombo (AOL) (a), sendo corgd12 a correlação genética

direta entre P450 e STAY54, *corgd13* a correlação genética direta entre P450 e AOL, *corgd23* a correlação genética direta entre STAY48 e AOL, *core12* a correlação residual entre P450 e STAY54, *core13* a correlação residual entre P450 e AOL, *core23* a correlação residual entre STAY54 e AOL. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), *stayability* aos 48 meses (STAY48) e peso padronizado aos 365 dias (P365) (**b**), sendo *corgd12* a correlação genética direta entre P450 e STAY48, *corgd13* a correlação genética direta entre P450 e P365, *corgd23* a correlação genética direta entre STAY48 e P365, *core12* a correlação residual entre P450 e STAY48, *core13* a correlação residual entre P450 e P365, *core23* a correlação residual entre STAY48 e P365.

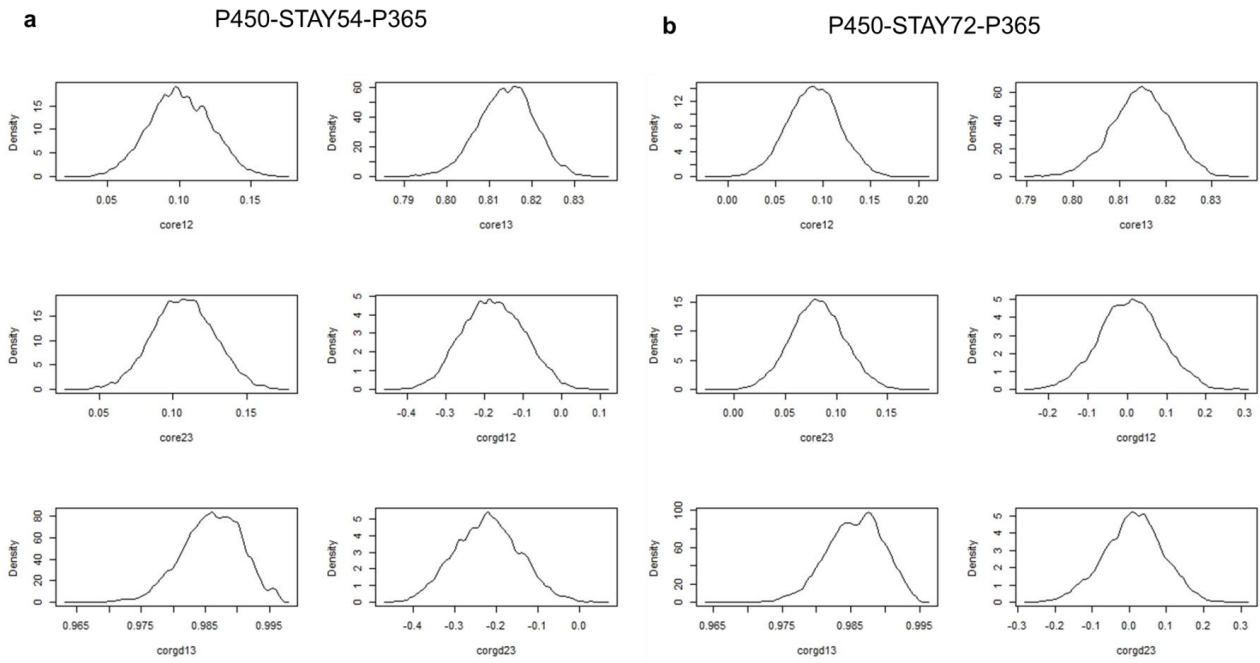


Figura S6. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), *stayability* aos 54 meses (STAY54) e peso padronizado aos 365 dias (P365) (**a**), sendo corgd12 a correlação genética direta entre P450 e STAY54, corgd13 a correlação genética direta entre P450 e P365, corgd23 a correlação genética

direta entre STAY54 e P365, core12 a correlação residual entre P450 e STAY54, core13 a correlação residual entre P450 e P365, core23 a correlação residual entre STAY54 e P365. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), *stayability* aos 72 meses (STAY72) e peso padronizado aos 365 dias (P365) (**b**), sendo corgd12 a correlação genética direta entre P450 e STAY72, corgd13 a correlação genética direta entre P450 e P365, corgd23 a correlação genética direta entre STAY72 e P365, core12 a correlação residual entre P450 e STAY72, core13 a correlação residual entre P450 e P365, core23 a correlação residual entre STAY72 e P365.

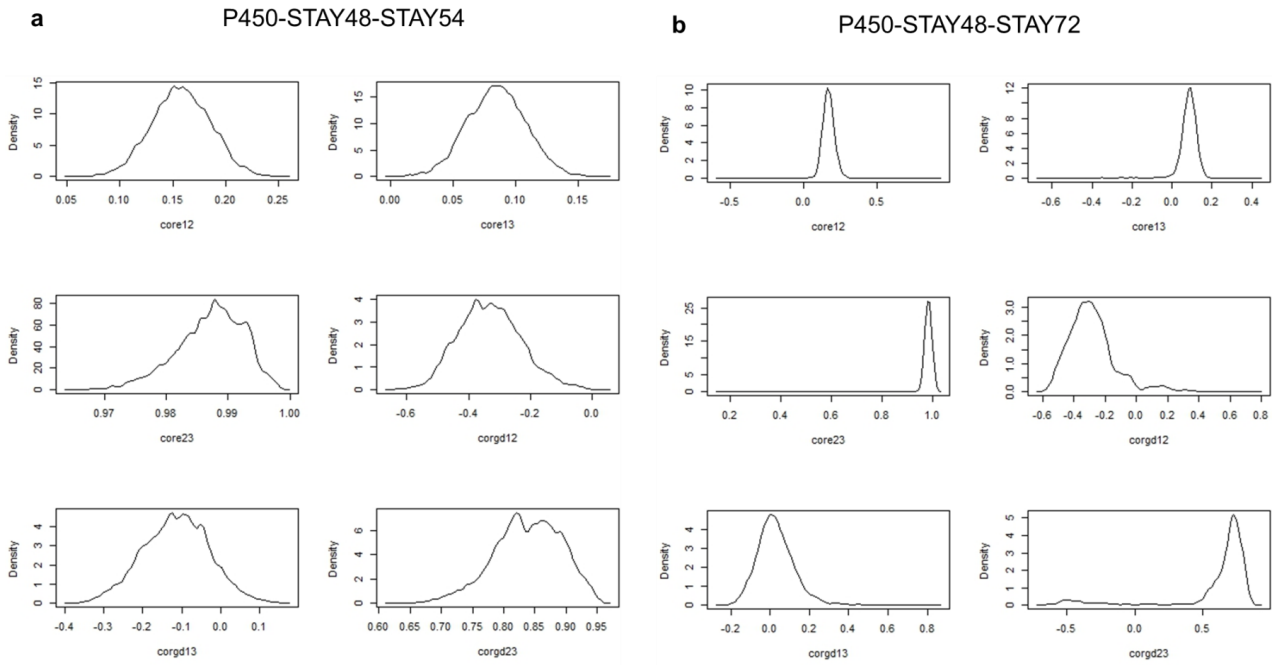


Figura S7. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), *stayability* aos 48 meses (STAY48) e *stayability* aos 54 meses (STAY54) (a), sendo corgd12 a correlação genética direta entre P450 e STAY48, corgd13 a correlação genética direta entre P450 e STAY54, corgd23 a correlação

genética direta entre STAY48 e STAY54, core12 a correlação residual entre P450 e STAY48, core13 a correlação residual entre P450 e STAY54, core23 a correlação residual entre STAY48 e STAY54. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), *stayability* aos 48 meses (STAY48) e *stayability* aos 72 meses (STAY72) (**b**), sendo corgd12 a correlação genética direta entre P450 e STAY48, corgd13 a correlação genética direta entre P450 e STAY72, corgd23 a correlação genética direta entre STAY48 e STAY72, core12 a correlação residual entre P450 e STAY48, core13 a correlação residual entre P450 e STAY72, core23 a correlação residual entre STAY48 e STAY72.

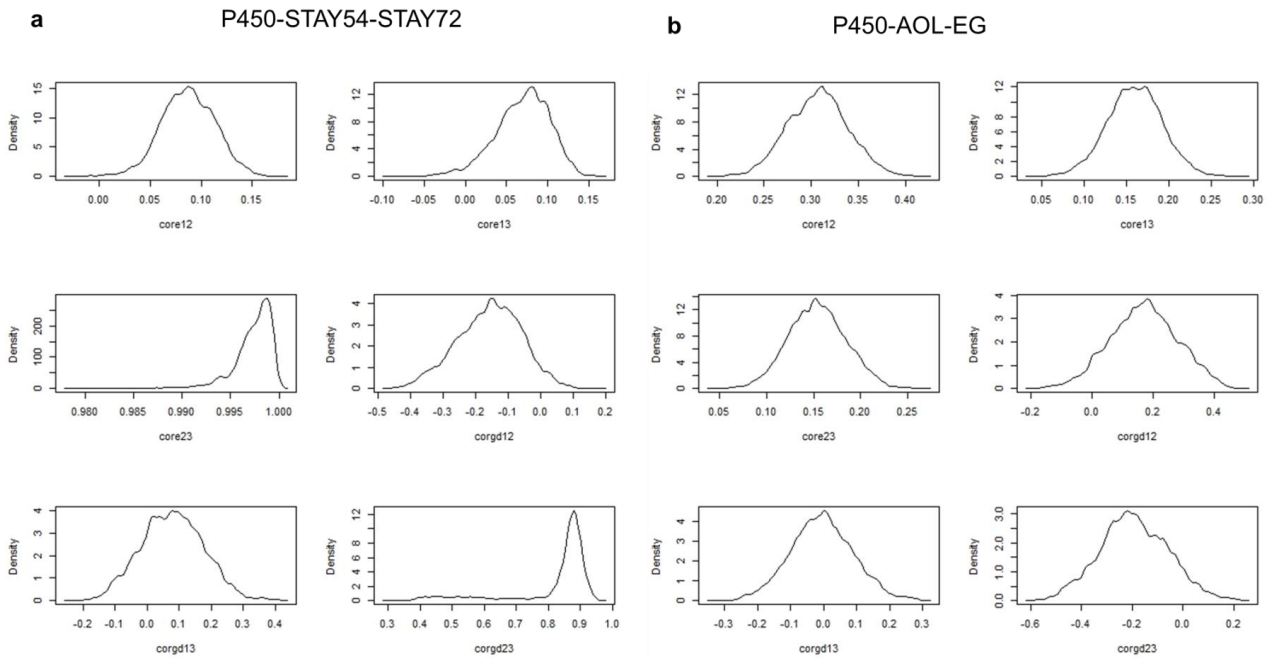


Figura S8. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), *stayability* aos 54 meses (STAY54) e *stayability* aos 72 meses (STAY72) (a), sendo corgd12 a correlação genética direta entre P450 e STAY54, corgd13 a correlação genética direta entre P450 e STAY72, corgd23 a correlação genética direta entre STAY54 e STAY72, core12 a correlação residual entre P450 e STAY54, core13 a correlação residual entre

P450 e EG, core23 a correlação residual entre STAY54 e STAY72. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), área do olho de lombo (AOL) e espessura da gordura subcutânea no lombo (EG) **(b)**, sendo corgd12 a correlação genética direta entre P450 e AOL, corgd13 a correlação genética direta entre P450 e EG, corgd23 a correlação genética direta entre AOL e EG, core12 a correlação residual entre P450 e AOL, core13 a correlação residual entre P450 e EG, core23 a correlação residual entre AOL e EG.

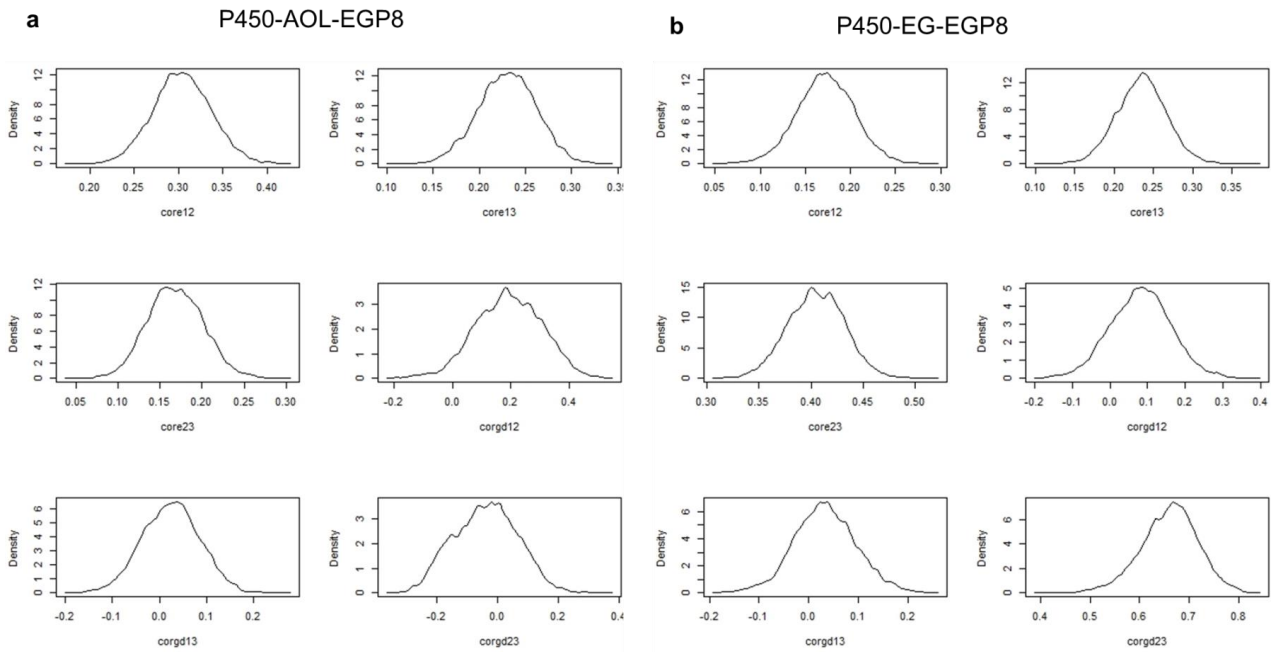


Figura S9. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), área do olho de lombo (AOL) e espessura da gordura subcutânea na picanha (EGP8) (a), sendo corgd12 a correlação genética direta entre P450 e AOL, corgd13 a correlação genética direta entre P450 e EGP8, corgd23 a correlação

genética direta entre AOL e EGP8, core12 a correlação residual entre P450 e AOL, core13 a correlação residual entre P450 e EGP8, core23 a correlação residual entre AOL e EGP8. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), espessura da gordura subcutânea na lombo (EG) e espessura da gordura subcutânea na picanha (EGP8) (**b**), sendo corgd12 a correlação genética direta entre P450 e EG, corgd13 a correlação genética direta entre P450 e EGP8, corgd23 a correlação genética direta entre EG e EGP8, core12 a correlação residual entre P450 e EG, core13 a correlação residual entre P450 e EGP8, core23 a correlação residual entre EG e EGP8.

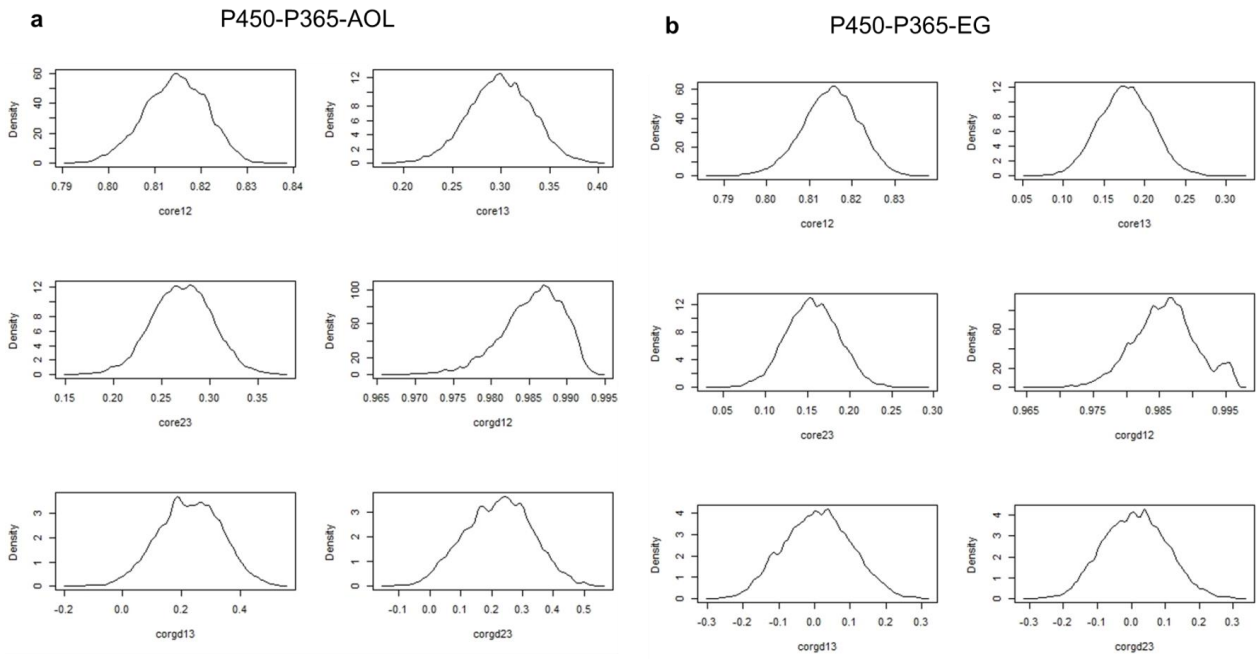


Figura S10. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), peso padronizado aos 365 dias (P365) e área do olho de lombo (AOL) (**a**), sendo corgd12 a correlação genética direta entre P450 e P365, corgd13 a correlação genética direta entre P450 e AOL, corgd23 a correlação genética direta entre P365 e AOL, core12 a correlação residual entre P450 e P365, core13 a correlação residual entre P450 e AOL,

core23 a correlação residual entre P365 e AOL. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), peso padronizado aos 365 dias (P365) e espessura da gordura subcutânea no lombo (EG) (**b**), sendo corgd12 a correlação genética direta entre P450 e P365, corgd13 a correlação genética direta entre P450 e EG, corgd23 a correlação genética direta entre P365 e EG, core12 a correlação residual entre P450 e P365, core13 a correlação residual entre P450 e EG, core23 a correlação residual entre P365 e EG.

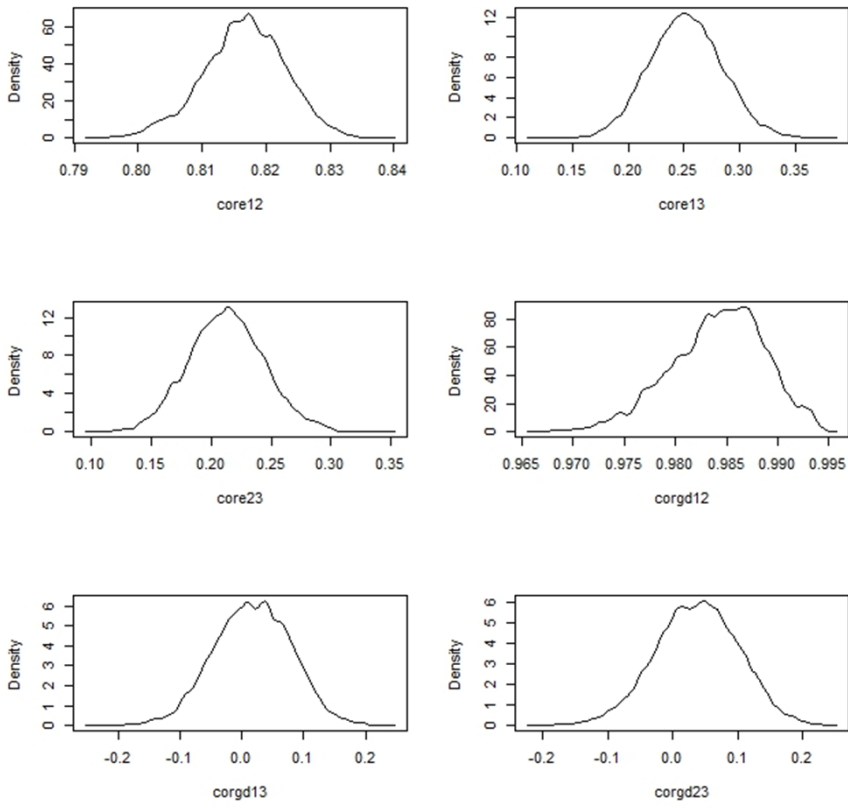
a P450-P365-EGP8

Figura S11. Gráficos de densidade *a posteriori* estimados para as correlações genéticas e residuais entre peso padronizado aos 450 dias (P450), peso padronizado aos 365 dias (P365) e espessura da gordura subcutânea na picanha (EGP8) (**b**), sendo *corgd12* a correlação genética direta entre P450 e P365, *corgd13* a correlação genética direta entre P450 e EGP8, *corgd23* a correlação genética direta entre P365 e EGP8, *core12* a correlação residual entre P450 e P365, *core13* a correlação residual entre P450 e EGP8, *core23* a correlação residual entre P365 e EGP8