

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
“JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CAMPÔS DE JABOTICABAL

**ESTIMATIVAS DE COMPONENTES DE (CO) VARIÂNCIA DE
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO NA RAÇA NELORE,
UTILIZANDO INFERÊNCIA BAYESIANA**

FRANCISCO RIBEIRO DE ARAÚJO NETO
Orientador: Prof. Dr. HENRIQUE NUNES DE OLIVEIRA

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 Genética e Melhoramento Animal.

JABOTICABAL – SÃO PAULO - BRASIL

Julho de 2008

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

FRANCISCO RIBEIRO DE ARAUJO NETO – nascido a 30 de julho de 1983, na cidade de Rio Verde - Goiás, é formado em Zootecnia pela FESURV - Universidade De Rio Verde – GO, em julho de 2005. Em agosto de 2006, iniciou o mestrado em Genética e Melhoramento Animal, na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Campus de Jaboticabal, sob a orientação do Prof. Dr. Henrique Nunes de Oliveira.

Dedico.....

**À Deus
À meus pais.
À meus irmãos.**

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, uma vez que sem sua vontade nada é possível e por acreditar que nenhum homem seja capaz de superar obstáculos sem fé, seja qual for a sua crença.

À meus pais, Jerônimo Vieira de Araújo e Terezinha Ferreira dos Anjos, cujos sonhos e objetivos sempre estiveram ligados à mim e a meus irmãos, demonstrando alegria nos momentos felizes, esperança e apoio em momentos difíceis.

À meus irmãos, Stefane Ferreira de Araújo e Jerônimo Vieira de Araújo Filho, que apesar de nossas diferenças, sempre estiveram a meu lado seja com palavras de incentivo, ou com apenas um ombro amigo.

Ao professor Dr. Henrique Nunes de Oliveira, pelos ensinamentos e orientação

À professora Dr^a. Lúcia Galvão de Albuquerque e Dr^a. Maria Eugênia Mercadante, por comporem as bancas de qualificação e defesa, contribuindo com sugestões que aprimoraram este trabalho.

Aos colegas de pós-graduação: Agmar, Tammya, Severino, Dimas, Carla, Davi, Roberta, Joseane, Lilian, Lina Maria, Henry, Raul, Otávio, Breno, Arione, Mônica, Juana, Leonardo, André e Lara pelo companheirismo.

Aos funcionários, professores e alunos do departamento de nutrição e melhoramento animal da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia de Botucatu, dentre os quais Carlão, Rogério, Marco e o professor Dr. Marcilio.

Ao programa de pós-graduação em genética e melhoramento animal da UNESP, pela possibilidade oferecida de desenvolver o mestrado.

A ANCP pela cessão dos dados, e Capes pela concessão de bolsas.

A todos que possibilitaram de forma direta ou indireta o desenvolvimento deste trabalho.

“Quem conhece a sua ignorância
Revela a mais alta sapiência.
Quem ignora a sua ignorância
Vive na mais profunda ilusão.
Não sucumbe a ilusão
Quem conhece a ilusão como ilusão.
O sábio conhece o seu não-saber,
E essa consciência do não-saber
O preserva de toda ilusão.”

(Lao-Tsé)

SUMÁRIO

	Pág.
CAPÍTULO 1- CONSIDERAÇÕES GERAIS	1
1.1 – Introdução	1
1.2 – Objetivos	3
1.3 – Revisão de literatura	4
1.3.1 – Componentes de variância: princípios e aplicação.....	4
1.3.2 – Inferência bayesiana: princípios e aplicação em melhoramento animal.....	8
1.3.2.1 - Teorema de Bayes.....	9
1.3.2.2 – Métodos de Monte Carlo e o Algoritmo de Amostragem de Gibbs (Gibbs sampling).....	12
1.3.3 - Características a serem consideradas como critérios de seleção em bovinos de corte.....	14
1.3.3.1 – Características indicativas do crescimento.....	15
1.3.3.2 – Indicativos de precocidade sexual: perímetro escrotal.....	17
1.4 – Referências Bibliográficas	18
 CAPÍTULO 2 – ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO NA RAÇA NELORE, UTILIZANDO – SE DE ABORDAGEM BAYESIANA	 30
RESUMO –	30
INTRODUÇÃO	32
MATERIAIS E MÉTODOS	34
Métodos de amostragem e consistência dos dados.....	34
Modelo e análise genético-quantitativa.....	35
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	38
CONCLUSÕES	56
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	57
 APÊNDICE	 65

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO 1

	Pág.
Figura 1 Evolução do rebanho bovino brasileiro de 1997 - 2005.	1
Figura 2 Evolução da produção de carne bovina no Brasil, entre os anos de 1997 a 2005 (equivalente - caracaça).	2

CAPÍTULO 2

	Pág.
Figura 1 Incremento da estimativa de herdabilidade com relação à idade do animal.	43
Figura 2 Densidades “ <i>a posterioris</i> ” das estimativas para a herdabilidade direta (h^2_d), materna (h^2_m) e porção do efeito permanente materno (c) nas características pesos padronizados aos 120 e 210 dias, e o ganho de peso neste intervalo.	45
Figura 3 Densidades “ <i>a posteriori</i> ” das estimativas para a herdabilidade direta para pesos padronizados as idades de 365, 450 e 550 dias e ganhos de peso entre estes períodos.	46
Figura 4 Densidades “ <i>a posteriori</i> ” das estimativas para a herdabilidade direta para medidas de circunferência escrotal padronizadas a idades de 365, 450 e 550 dias e crescimento entre estes períodos.	47
Figura 5 Representação gráfica das correlações genéticas entre as características ponderais e de perímetro escrotal.	51
Figura 6 Ganhos genéticos esperados (D_g) nos pesos dos animais de acordo com a idade, em função da característica a utilizada como critério de seleção.	52
Figura 7 Representação gráfica das correlações ambientais entre as características ponderais e de perímetro escrotal.	55

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 1

		Pág.
Tabela 1	Estimativas de herdabilidade apresentadas na literatura para pesos mensurados em varias idades e raças	16
Tabela 2	Estimativas de herdabilidade apresentadas na literatura para perímetro escrotal nas mais diversas idades e raças	18

CAPÍTULO 2

		Pág.
Tabela 1	Descrição do banco de dados utilizado para as análises genéticas.....	35
Tabela 2	Estatísticas descritivas das amostras das distribuições posteriores dos componentes de variância e parâmetros genéticos referentes aos ganhos de peso entre as idades de 120 e 210 (GP1), 210 e 365 (GP2), 365 e 450 (GP3) e 450 e 550 dias (GP4).....	39
Tabela 3	Estatísticas descritivas das amostras das distribuições posteriores dos componentes de variância e parâmetros genéticos referentes aos pesos padronizados aos 120 (P120), 210 (P210), 365 (P365), 450 (P450) e 550 (P550) dias de idade.....	40
Tabela 4	Estatísticas descritivas das amostras das distribuições posteriores dos componentes de variância e parâmetros genéticos referentes a mensurações de perímetro escrotal nas idades padrão de 365 (PE365), 450 (P450) e 550 (P550) dias; e para o crescimento apresentado entre estes períodos: 365 e 450(CP1) e 450 e 550 dias (CP2).....	42
Tabela 5	Estimativas das medias “ <i>a posteriori</i> ” e desvio-padrões (entre parênteses) das correlações genéticas (triangular superior) e ambientais (triangular inferior) entre características de crescimento e reprodutivas na raça Nelore.....	48

ESTIMATIVA DE COMPONENTES DE (CO) VARIÂNCIA DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO NA RAÇA NELORE, UTILIZANDO INFERÊNCIA BAYESIANA

RESUMO:

Neste trabalho objetivou-se avaliar a aplicação de método bayesiano na análise de dados de crescimento, em um modelo multi-características. Dados de 54.182 animais da raça Nelore foram utilizados na estimação de componentes de variância de: a) pesos padronizados as idades de 120 (P20), 210 (P210), 365 (P365), 450 (P450) e 550 (P550) dias; b) perímetro escrotal as idades-padrão de 365 (PE365), 450 (PE450) e 550 (PE550) dias; c) ganhos de peso entre as idades 120/210 (GP1), 210/365 (GP2), 365/450 (GP3) e 450/550 (GP4) e; d) crescimento escrotal nos intervalos de 365/450 (CP1) e 450/550 (CP2). As análises foram realizadas empregando-se o software GIBBS2F90, assumindo um modelo animal para oito características: P120, PE365 e ganhos de peso e perímetro escrotal. As demais foram obtidas mediante propriedades da soma de variâncias. As herdabilidades diretas estimadas foram 0,17; 0,19; 0,13; 0,15; 0,33; 0,19; 0,23; 0,24; 0,35; 0,37; 0,39; 0,52; 0,56; e; 0,48 para GP1, GP2, GP3, GP4, CP1, CP2, P120, P210, P365, P450, P550, PE365, PE450 e PE550, respectivamente. Os valores de correlação genética variaram de -0,025 (GP3/PE550) a 0,97 (PE450/PE550). Verificou-se que as características em idades padrão apresentam maior variabilidade genética que as medidas intervalares, o que as indica como critérios de seleção que possibilitaria uma melhor resposta a seleção. Com relação à implementação do método bayesiano em modelo multi-características, verificou-se eficiente apesar do pequeno número de amostras efetivas geradas em alguns parâmetros, indicando a necessidade de um maior número de interações.

Palavras – chaves: análise multi-características, amostrador de Gibbs, raça Nelore, peso, perímetro escrotal

ESTIMATION OF VARIANCE COMPONENTS FOR GROWTH TRAITS IN NELLORE CATTLE, USING BAYESIAN INFERENCE

ABSTRACT:

This work, the objective is to evaluate application of Bayesian methods in multiple-trait animal models. Records from 54.182 Nellore males were used for estimation of variance components for: a) weight standardized ages of 120 (W120), 210 (W210), 365 (W365), 450 (W450) and 550 (W550) days; b) scrotal circumference at age-standard from 365 (EC365), 450 (EC450) and 550 (EC550); c) weight gains between the standardized ages of 120/210 (WG1), 210/365 (WG2), 365/450 (WG3) e 450/550 (WG4); d) scrotal growth in the intervals 365/450 (EG1) and 450/550 (EG2). Analyses were performed using the GIBBS2F90, assuming a multiple-trait animal model. The direct heritability estimates were 0,17; 0,19; 0,13; 0,15; 0,33; 0,19; 0,23; 0,24; 0,35; 0,37; 0,39; 0,52; 0,56; e;0,48 for WG1, WG2, WG3, WG4, EG1, EG2, W120, W210, W365, W450, W550, EC365, EC450 and EC550, respectively. The correlations values was ranging from -0,025 (between WG3 and EC550) to 0,97 (between EC450 and EC550) to genetics. It was found that the standard features in ages show greater genetic variability that measures interval, which indicates how the criteria of selection that would better meet the selection. Regarding the implementation of the Bayesian method in multi-model features, there was efficient despite the small number of effective samples generated in some parameters, indicating the need for a greater number of interactions.

Key-word: multiple-traits analysis, gibbs sample, Nellore cattle, weights, escrotal circumference

CAPÍTULO 1- CONSIDERAÇÕES GERAIS

1.1 – Introdução

Dentro do contexto econômico brasileiro, a bovinocultura tem apresentado papel de fundamental importância. Mesmo considerando o período colonial, cuja atividade principal era a produção de cana-de-açúcar, a criação de bovinos era vital para o desenvolvimento dos centros urbanos e expansão das fronteiras do país, sendo empregada não somente para produção de alimentos, como para trabalho e transporte.

Como o Brasil apresenta condições ótimas para a prática de atividades agropastoris – extensão territorial, clima e mercado consumidor – pode-se notar um grande desenvolvimento da bovinocultura, como atividade econômica, contribuindo atualmente com grande parte do Produto Interno Bruto brasileiro. Tal situação é resultante da ampliação do mercado consumidor, proporcionada pelo aumento das exportações, ocasionando um crescimento considerável não somente no rebanho (Figura 1), como na produção de carcaças (Figura 2), o que confere ao Brasil o título de maior produtor mundial de carne.

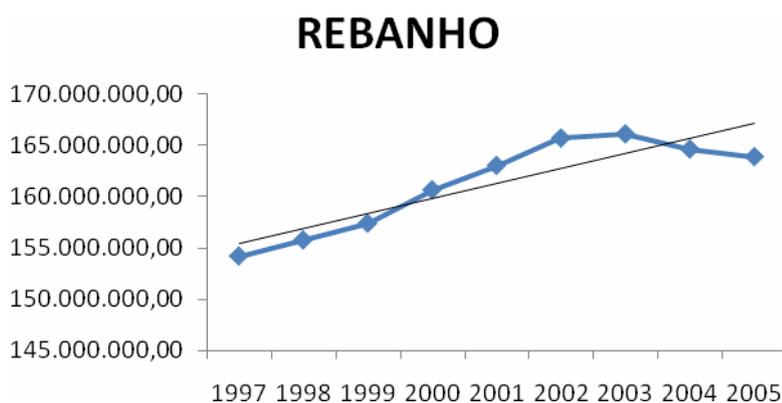


Figura 1 - Evolução do rebanho bovino brasileiro de 1997 - 2005.
Fonte: AgroFNP (2006)

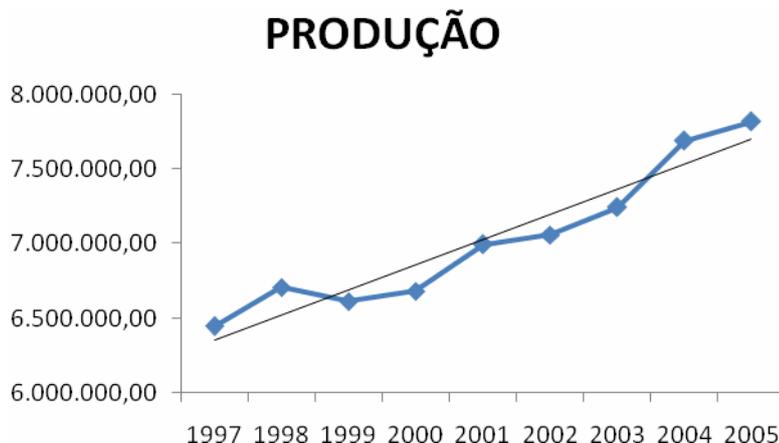


Figura 2 - Evolução da produção de carne bovina no Brasil, entre os anos de 1997 a 2005 (equivalente - carcaça).

Fonte: AgroFNP (2006)

Pode-se verificar que as taxas de produção são superiores ao crescimento do próprio rebanho, evidenciando uma melhora dos índices de produtividades, proporcionados por uma modernização da pecuária nacional, como resposta às pressões do mercado internacional. Dentro deste cenário, a busca por sistemas de produção mais eficientes é de vital importância para que o produtor se mantenha competitivo. Esta eficiência somente é possível, mediante a adoção de técnicas zootécnicas modernas, o que possibilitou, apesar do principal sistema de produção continue sendo a pasto, a diminuição do tempo de abate, da idade à primeira parição e aumento na fertilidade e melhora na qualidade da carne bovina produzida no Brasil.

De uma maneira geral estas mudanças no ambiente, resultantes da adoção de novas tecnologias, são acompanhadas por mudanças genéticas nos rebanhos de produção, promovidas pela seleção de animais, que nos últimos anos tem adquirido caráter mais técnico, especialmente no que se refere às raças zebuínas, dentre as quais se destaca a Nelore. Correspondendo a 80% do rebanho zebuíno (OLIVEIRA, MAGNABOSCO & BORGES, 2002), estes animais apresentam vantagens competitivas resumidas pela capacidade de produção em sistemas com baixo nível e má distribuição da oferta de nutrientes, e condições climáticas e sanitárias adversas.

Tendo em vista a importância desta raça e a necessidade crescente de obtenção de reprodutores de mérito genético comprovado, tem-se verificado nos últimos anos, o desenvolvimento de um grande número de programas de seleção, que empregam a princípio como critérios de seleção pesos a idades padrão, ou taxas de ganhos entre estes períodos. Mesmo não apresentado valor econômico direto, ressalva-se também a inclusão do perímetro escrotal como critério de seleção em grande parte destes programas de forma a complementar a seleção realizada sobre medidas ponderais.

Na gênese desses programas de melhoramento, a decisão sobre quais animais selecionar se fundamenta na predição dos valores genéticos para os critérios de seleção adotados, sendo necessário para tanto o desenvolvimento de métodos que possibilitem a estimação acurada dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos. O aumento na precisão das estimativas é proporcional ao número de fonte de informações, sendo assim interessante a utilização de métodos de características múltiplas ou multi-características. Estes além de utilizar informações de desempenho individual e de parentes, agregam outras provindas de outras características, através das correlações genética e residual. Entretanto a adesão de tais métodos implica em aumento da complexidade de modelos, e, portanto das exigências computacionais, tornando rara a utilização de modelos para análise conjunta de mais de três características.

Assim torna-se necessário o desenvolvimento e aplicação de metodologias estatísticas, que tornem viável a utilização de modelos para análise de várias características simultaneamente, de forma a aumentar a acurácia das avaliações, a melhor compreensão dos mecanismos genéticos envolvidos e a escolha dos critérios de seleção a serem empregados.

1.2 – Objetivos

1) Estimar componentes de (co)variância para pesos padronizados às idades de 120, 210, 365, 450 e 550 dias de idade; ganhos de peso entre as idades padrão

consideradas; perímetro escrotal a idades padrão de 365, 450 e 550 dias e, o crescimento escrotal entre as idades padrão, buscando o estudo genético e comparação entre critérios de seleção em animais da raça Nelore;

2) Verificar a eficiência na utilização de métodos bayesianos na estimação de componentes de (co)variância em modelos de análise conjunta envolvendo oito características;

1.3 – Revisão de literatura

1.3.1 – Componentes de variância: princípios e aplicação

Todas as técnicas utilizadas em genética quantitativa e áreas afins encontram-se fundamentadas na decomposição do valor fenotípico do indivíduo em componentes genotípico e ambiental. Tal consideração já há muito tem sido mencionada na literatura científica (DARWIN, 2005), entretanto, no que concerne sua aplicação, destaca-se os trabalhos de JOHNSON (1902), citado por BULMER (1985), envolvendo melhoramento vegetal. Posteriormente, FISHER (1918), citado por LOWRY (1955), apresentou a decomposição do componente genotípico, em valores atribuídos às ações aditiva, de dominância e epistasia desempenhadas pelos genes. Destes últimos, maior atenção é dedicada ao componente aditivo, que é o responsável pela semelhança entre indivíduos aparentados e também determinante dos resultados da seleção.

Desta forma considerando os pontos acima referidos, e desconsiderando uma possível interação genótipo ambiente, tem-se que uma dada observação y do animal pode ser assim decomposta:

$$y = G + E^*$$

$$y = (G_a + G_d + G_e) + E^*$$

$$y = G_a + E \quad [1]$$

onde: G , G_a , G_d e G_e , representam os componentes genéticos, aditivo, de dominância e epistasia, respectivamente; E^* , figura como efeito ambiental puro e; E como efeito ambiental mais os componentes genéticos não aditivos. Como os componentes acima são considerados como variáveis aleatórias, pressupõe-se que seu comportamento seja determinado por uma distribuição normal de probabilidade, partindo do pressuposto apresentado no Teorema do Limite Central. Considerando tais variáveis como desvios – e portando apresentando média 0 –, desconsiderando-se possíveis efeitos de interação genótipo X ambiente, e a propriedade da soma de variâncias, temos:

$$\sigma_y^2 = \sigma_{ga}^2 + \sigma_e^2 \quad [2]$$

em que, σ_y^2 , σ_{ga}^2 , σ_e^2 simbolizam a variação fenotípica; variação genética e ambiental, na mesma ordem.

Entretanto, mesmo que o modelo [2] descreva a variação apresentada pela maioria das características de forma satisfatória, nos últimos anos tem sido referenciada a inclusão de componentes de efeito materno, em caracteres pré-desmame. Tais efeitos são determinados pela influência do ambiente uterino, produção de leite e capacidade de defesa, sendo denominados por habilidade materna. Empiricamente, verifica-se que tal característica, constitui-se em um efeito ambiental extra, influenciando sobre a cria, que apresenta origem genética e ambiental (BIJMA, 2006). Em suma, trata-se de uma característica da mãe expressa através do desempenho da cria e, portanto, avaliada a partir dos dados deste. Assim, o modelo pode ser estendido:

$$\sigma_y^2 = \sigma_{ga}^2 + \sigma_{ma}^2 + \sigma_{pm}^2 + \sigma_{gm} + \sigma_e^2 \quad [3]$$

de forma que, σ_{ma}^2 , σ_{pm}^2 correspondem à variância dos efeitos aditivo materno e de ambiente permanente e σ_{gm} corresponde à covariância entre os efeitos genéticos materno e direto. Quando da avaliação de mais de uma característica, outra importante estatística a ser considerada é a covariância existente entre elas. Assim como na variância, temos fontes de co-variâncias aditivas e residuais.

Dentre as principais utilidades do emprego de estimativas de componentes de variância em melhoramento animal destaca-se a estimação acurada do valor genético e dos parâmetros genéticos populacionais (HENDERSON, 1986). A partir dos últimos, torna-se possível a descrição da estrutura genética de uma população e a compreensão dos mecanismos hereditários envolvidos na expressão de determinada característica. De forma generalizada, tais parâmetros compõem-se de interpretações matemáticas das relações entre os componentes de variância, descritos em [3]. Em genética quantitativa, os principais parâmetros genéticos referem-se a razões entre um determinado componente de interesse e a variância fenotípica, onde temos: a) herdabilidade restrita direta (variância aditiva); b) herdabilidade restrita materna e; c) porção atribuída ao efeito permanente materno. Além destas, quando da avaliação conjunta de mais de uma característica, tem-se a necessidade do conhecimento de correlações genéticas e ambientais, baseadas na co-variância entre elas.

É de vital importância o desenvolvimento e aplicação de métodos que possibilitem maximizar a acurácia das estimativas dos componentes de variância apresentados no modelo genético. Assim, inúmeros tem sido os métodos desenvolvidos para tal finalidade, dentre os quais: métodos I, II e III de Henderson (HENDERSON, 1953); método de estimação quadrática não-viesada de norma mínima – MINQUE (RAO, 1971a); método de estimação quadrática não-viesada de variância mínima – MIVQUE (RAO, 1971b); método de máxima verossimilhança – ML (HARTLEY & RAO, 1967) e de máxima verossimilhança restrita – REML

(PATTERSON & THOMPSON, 1971). Verifica-se de uma forma geral que a evolução dos métodos de estimação é determinada pelo avanço computacional. No que concerne ao escopo desta revisão, não serão apresentadas minúcias destes métodos, sendo disponíveis vários textos-referências, onde se encontram descrições pormenorizadas e comparações entre eles (LOPES et al., 1993; RAO, 1997). No entanto, algumas considerações serão realizadas sobre o último método, já que na atualidade é o que vem sendo comumente empregado na obtenção dos componentes de variância necessários à predição dos valores genéticos dos animais.

O método de máxima verossimilhança restrita (REML) tem sido preferido pelos pesquisadores da área para estimação de componentes de variância em modelos lineares mistos, por permitir a inclusão das informações da matriz de parentesco e proporcionar, em geral, estimativas menos viciadas que os métodos anteriores, quando os dados são provenientes de rebanhos sob seleção baseada na característica estudada ou em alguma característica correlacionada. Entretanto, os resultados da estimação de componentes de variância por este método, assim como em todos os métodos freqüentistas de estimação, são pontuais, e não permitem que outras inferências, além daquelas proporcionadas pelo valor da estimativa e de sua variância sejam feitas. Além disto, o custo computacional cresce exponencialmente com o número de componentes estimados em cada análise, tornando praticamente inviável a sua utilização em análises que envolvam mais de três características, quando o número de dados é grande.

Em vista das limitações dos métodos freqüentistas, tem-se verificado o desenvolvimento de uma concepção bayesiana para a estimação de componentes de variância. HARVILLE (1974) e SUN et al. (1996), demonstram que a inferência bayesiana é uma alternativa de grande flexibilidade tanto em relação aos modelos que podem ser utilizados nas análises, quanto às inferências que podem ser realizadas a partir dos resultados, com menor custo computacional.

1.3.2 – Inferência bayesiana: princípios e aplicação em melhoramento animal

A análise bayesiana consiste em uma metodologia de inferir, no qual os parâmetros são tidos como variáveis aleatórias detentoras de distribuições “*a priori*” que refletem o estágio de conhecimento sobre eles, antes mesmo de se obterem os dados (GIANOLA & FERNANDO, 1986; BEAUMONT & RANNALA, 2004). Neste contexto, objetiva-se descrever toda a informação sobre o valor de determinado parâmetro, utilizando-se da probabilidade como uma medida condicional da incerteza (BLASCO, 2001; BERNARDO, 2002).

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

Outra diferença é com respeito a alguns conceitos rotineiros em estatística, que não apresentam interpretação bayesiana. Em um contexto bayesiano não existe “viés”, uma vez que repetições de um experimento não são consideradas. Com relação à categorização dos efeitos, a princípio, todos são considerados aleatórios, tornando inócua a denominação de modelos mistos. No entanto, essa distinção requerida na genética quantitativa, é providenciada pela atribuição de “*prioris*” distintas entre os efeitos ditos “fixos” e “aleatórios” (GIANOLA & FERNANDO, 1986; BLASCO, 2001).

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

domésticas (MAGNABOSCO et al., 2000; MAGNABOSCO et al., 2001; NOGUEIRA et al., 2003; BARBOSA, 2005; GARA et al., 2006; MASCIOLI et al., 2006; MELLO et al., 2006; WINTER et al., 2006; YAMAKI, 2006; TORAL et al., 2007).

1.3.2.1 - Teorema de Bayes

Os métodos bayesianos encontram-se fundamentados no teorema desenvolvido pelo reverendo Thomas Bayes, em 1761, o qual se compõe em uma forma matemática de resumir toda a informação disponível sobre um determinado evento, com a finalidade de realizar a melhor decisão possível (BERNARDO & SMITH, 1993).

Para sua demonstração, deve-se recorrer aos princípios de probabilidade conjunta e condicional. Dessa forma, como demonstrado por BOX E TIAO (1973) e GELMAN et al. (2004), considerando um vetor de parâmetros não observáveis $\theta' = (\theta_1, \dots, \theta_k)$ e, outro $y' = (y_1, \dots, y_n)$ de n observações (dados), temos a seguinte expressão da distribuição de densidade de probabilidade conjunta $p(y, \theta)$:

$$p(y | \theta) = p(y | \theta) p(\theta) = p(\theta | y) p(y) \quad [4]$$

onde, $p(\theta)$ e $p(y)$ são as densidades de probabilidade marginais de θ e y , respectivamente. A partir das equações apresentadas em [4], obtemos a distribuição condicional do parâmetro (θ) dado o vetor de dados (y):

$$p(\theta | y) = \frac{p(y | \theta) p(\theta)}{p(y)} \quad [5]$$

em que, sob normalidade de θ , $p(y)$ é obtida por:

$$p(y) = E p(y | \theta) = \int p(y | \theta) p(\theta) d\theta \quad [6]$$

Como, a função $p(y)$ não depende de θ , ela é considerada como uma constante normalizadora de $p(\theta|y)$, podendo ser omitida (GELMAN et al, 2004; EHLERS, 2008). Com base neste argumento, a igualdade apresentada em [5], pode ser substituída pela seguinte proporcionalidade:

$$p(\theta | y) \propto p(y | \theta) p(\theta) \quad [7]$$

em que, $p(\theta)$ é a densidade de probabilidade “*a priori*” de θ , a qual reflete o grau de conhecimento acumulado sobre os possíveis valores de θ , antes da obtenção de informações contidas em y ; $p(y|\theta)$ corresponde a uma função de verossimilhança de y , que representa a contribuição dos dados ao conhecimento do parâmetro; e $p(\theta|y)$ é a densidade de probabilidade “*a posteriori*” de θ , sobre a qual são realizadas as inferências sobre determinado parâmetro de interesse, através da determinação de estimadores pontuais (média, mediana e moda) e por intervalares (intervalos de credibilidade bayesiano e de alta densidade).

Por intermédio da expressão [7], pode-se verificar uma atualização das informações contidas na distribuição “*a priori*” de θ , pela função de verossimilhança. Deste modo, a distribuição “*a posteriori*” contempla o grau de conhecimento prévio sobre o parâmetro $p(\theta)$ e também as informações adicionais propiciadas pelo experimento $p(y|\theta)$ (RESENDE, 2000; BEAUMONT & RANNALA, 2004). Um ponto de relevância, comentado por GIANOLA E FERNANDO (1986) e CARNEIRO JUNIOR et al. (2005), é a influência do volume de dados, sobre a ponderação da informação “*a priori*” e da verossimilhança na determinação da “*posteriori*”. Em geral, atribui-se uma maior importância a primeira quando a quantidade (n) de dados experimentais atuais é pequena. À medida que o tamanho da amostra aumenta, a $p(\theta|y)$ tende a se assemelhar a distribuição representada pela verossimilhança.

Freqüentemente, a distribuição dos dados (y) depende não somente de um conjunto de parâmetros de interesse θ_1 , mas também de outros parâmetros incidentais

ou *nuisance* θ_2 . Nestes casos, tem-se a seguinte distribuição posterior conjunta $p(\theta_1, \theta_2 | y)$:

$$p(\theta_1, \theta_2 | y) \propto p(y | \theta_1, \theta_2) p(\theta_1, \theta_2) \quad [8]$$

Inferências e a obtenção de estimativas envolvendo θ_1 são geralmente realizadas com base na distribuição posterior marginal de θ_1 , obtida mediante processo de integração:

$$p(\theta_1 | y) = \int_{R_{\theta_2}} p(\theta_1, \theta_2 | y) d\theta_2 \quad [9]$$

Alternativamente, a função $p(\theta_1 | y)$ pode ser decomposta em:

$$p(\theta_1 | y) = \int_{R_{\theta_2}} p(\theta_1 | \theta_2, y) p(\theta_2 | y) d\theta_2 \quad [10]$$

em que, a distribuição marginal posterior do parâmetro de *nuisance* atua como uma função de ponderação multiplicando a distribuição condicional $p(\theta_1 | \theta_2, y)$ dos parâmetros de interesse (BOX & TIAO, 1973; GELMAN et al, 2004), sendo a fórmula apresentada em [10], interessante em estudos de robustez (GIANOLA & FERNANDO, 1986).

De acordo com SORENSEN (1996), uma das maiores dificuldades técnicas na implementação de métodos bayesianos tem sido a “marginalização” expressa em [9], sendo que a obtenção destas distribuições marginais por processos analíticos, ou mesmo pelo emprego de métodos usuais de integração numérica, é impossível. Inúmeras alternativas foram testadas, como aproximação a normal multivariada, método de Laplace e quadratura interativa (RIBEIRO, 2001). Todavia, recentemente, os métodos de Monte Carlo baseados em cadeias de Markov - denominados MCMC

(do inglês Markov Chain Monte Carlo) - surgiram como opção para viabilizar a análise bayesiana (SORENSEN, 1996), dentre os quais, ressalta-se a amostragem de Gibbs.

1.3.2.2 – Métodos de Monte Carlo e o Algoritmo de Amostragem de Gibbs (Gibbs sampling)

O desenvolvimento sistemático do método de Monte Carlo data de 1944, no entanto seus princípios já há muito são relatados na literatura. Em 1899, Lord Rayleigh demonstrou que uma variável aleatória satisfaz sem problemas uma solução aproximada para uma equação diferencial parabólica. No início da década de 30, Kolmogorov expôs a relação entre o processo estocástico de Markov e certas equações diferenciais (MESSETTI & QUEIROZ, 2002).

A abordagem original Monte Carlo foi desenvolvida por físicos com intuito de gerar números aleatórios para avaliação de integrais. Suponha que se objetiva calcular a integral de uma função $g(x)$ no intervalo (a,b) :

$$\int_a^b g(x)dx \quad [11]$$

Decompondo $g(x)$ em um produto de uma função $f(x)$ e uma função densidade de probabilidade $p(x)$ definida sobre o intervalo acima (WALSH, 2008), temos que:

$$\begin{aligned} & \int_a^b g(x)dx \\ & \int_a^b f(x)p(x)dx \\ & E_{p(x)}[f(x)] \end{aligned} \quad [12]$$

Assim a integral passou a ser expressa como uma esperança de $f(x)$ sobre uma densidade $p(x)$, ou seja, toda a problemática envolvida na avaliação da integral é convertida na estimação de uma média (EHLERS, 2003). Existem inúmeras variações dos métodos de Monte Carlo, entretanto a que tem ganhado notória importância nos últimos anos, tem sido a que mescla princípios markovianos para geração das variáveis.

Os métodos MCMC constituem uma família de processos iterativos para aproximar a geração de amostras de distribuições multivariadas (em processos Monte Carlo, em propriedades das cadeias de Markov). O amostrador de Gibbs se apresenta como uma técnica para a obtenção indireta de variáveis aleatórias de uma distribuição (marginal), sem ter que calcular sua densidade de probabilidade (CASELA & GEORGE, 1992), sendo um caso particular do algoritmo de Metropolis-Hastings.

GEMAN e GEMAN (1984) o definem a amostragem de Gibbs como um método de amostragem condicional alternada definido em termos de subvetores de θ . Suponha que o vetor θ possa ser dividido em r componentes ou subvetores, ou seja, $\theta = (\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_r)'$. Cada iteração do Amostrador de Gibbs consiste em simular valores de cada subvetor de θ , condicionalmente aos valores de todos os outros subvetores, totalizando k simulações para cada iteração completa do ciclo.

Pode-se demonstrar que, sob condições normais (GEMAN & GEMAN, 1984) após um grande número de iterações, a seqüência de valores gerados pelo Amostrador de Gibbs converge para uma distribuição estacionária igual a $p(\theta|y)$, ou seja, cada valor de θ obtido pelo Amostrador de Gibbs após convergência, é um valor simulado da distribuição conjunta de seus elementos.

Suponha que se tenha interesse na distribuição marginal de determinada função dos parâmetros $\phi = g(\theta) = g(\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_r)$. Depois de obtida a convergência do Amostrador de Gibbs, a avaliação de $g(\cdot)$ para cada valor de θ simulado fornece amostras de ϕ , as quais podem ser utilizadas para estimação de densidade utilizando-se, por exemplo, algum método de estimação por meio de núcleo (*Kernel*).

Esse tipo de aproximação, evidentemente, será tanto melhor quanto maior for o número de amostras utilizadas nos cálculos. Ainda, por se tratar de um processo de Markov, amostras sucessivas são dependentes entre si, e por essa razão a utilização de amostras obtidas a partir do descarte de algumas iterações intermediárias, pode também ser recomendada no sentido da obtenção de amostras independentes. Desta forma, num processo de Amostragem de Gibbs, o número total de iterações a partir de valor inicial $\theta^{(0)}$ é determinado a partir do número de iterações necessárias para a convergência, do número de iterações descartadas entre cada amostra utilizada nos cálculos e do número total de amostras que se deseja para as aproximações de Monte Carlo.

Uma abrangente apresentação de critérios de convergência para sequências de Amostragem Gibbs pode ser obtida em RAFTERY e LEWIS (1992) e CHEN et al. (2000). Estratégias para se acelerar esse processo, bem como para a obtenção de amostras de Gibbs independentes em modelos lineares mistos são discutidas por CHIB e CARLIN (1998).

VAN TASSEL et al. (1995) resumizam as seguintes vantagens do uso do método da Amostragem de Gibbs em relação aos métodos usuais que empregam teoria BLUP: a) não requer soluções para as equações de modelo misto; b) permite a análise de conjunto de dados maiores do que quando se usa REML com técnicas de matrizes esparsas; c) propicia estimativas diretas e acuradas dos componentes de (co)variância, valores genéticos e intervalos de confiança para essas estimativas, e d) pode ser usado sem problemas em microcomputadores e estações de trabalho.

1.3.3 - Características a serem consideradas como critérios de seleção em bovinos de corte

O sucesso de um programa de melhoramento animal é dependente da definição dos objetivos e critérios a serem utilizados. Segundo EUCLIDES FILHO (1999), o objetivo do empreendimento é o negócio da empresa, enquanto objetivo-fim é a combinação de atributos de importância econômica que se busca nos indivíduos, ou

seja, aquilo que se deseja melhorar. Por outro lado, entende-se por critério de seleção a característica ou conjunto de características que serão medidas nos indivíduos e, a partir das quais, faz-se a escolha daqueles que se destinarão a serem pais da próxima geração. Portanto, há uma relação estreita entre objetivo-fim de um programa de melhoramento genético e critério de seleção, mas esses não são, todavia, sinônimos.

Podemos resumir os seguintes atributos, que uma característica deve apresentar para ser utilizada como critério de seleção: a) ser herdável, ou seja, parte do valor fenotípico do animal deve ser atribuída à ação aditiva dos genes; b) coerente com o objetivo de seleção em questão; c) correlacionada com outras características utilizadas no programa e; d) possível de mensuração. Assim, medidas de peso e perímetro escrotal à idades padronizadas tornaram-se atrativas em programas de melhoramento de bovinos de corte, por apresentarem vários destes atributos.

1.3.3.1 – Características indicativas do crescimento

Definido como aumento de massa tecidual, oriundo da atividade hiperplásica (multiplicação) e hipertrófica (aumento) das células (OWENS et al., 1993), o crescimento é considerado como um fenômeno biológico de grande importância na produção animal, uma vez que, além de influir decisivamente sobre as demais funções exploradas pelo homem, caracteriza-se como um processo de desenvolvimento corporal de alta eficiência econômica (PEIXOTO, 1993). Em geral, as características relacionadas com ele são as primeiras a serem obtidas e avaliadas em programas de melhoramento.

Por serem determinantes da quantidade de produto final por animal em gado de corte, por terem herdabilidade de moderada a alta, e também por serem mais fáceis de obter e analisar, a grande maioria, ou talvez mesmo a totalidade, dos programas de melhoramento de gado de corte no Brasil inclui, entre as características avaliadas, pesos em idades padrão ou ganhos de peso em determinados períodos, sendo que entre os programas que utilizam índices empíricos para a classificação dos animais, a ênfase dada a estas características é sempre bastante elevada.

Herdabilidades de características de crescimento como pesos, do nascimento até os 550 dias, estimadas em Nelore são moderadas a altas. GIANOTTI et al. (2005), realizaram um extenso levantamento envolvendo 186 trabalhos e 896 estimativas de herdabilidade e, por meio de meta-análise, obtiveram valores de 0,23 a 0,31 para estimativas combinadas de herdabilidades de efeitos diretos de pesos do nascimento aos 550 dias; para os efeitos maternos as herdabilidades combinadas variaram de 0,05 a 0,13; e para a correlação entre eles, de -0,20 a -0,16. MERCADANTE (1994), através de revisão de artigos e ponderando as estimativas pelos seus erros padrão, obteve coeficientes de herdabilidade que variaram de 0,23 – 0,34, para pesos à idades padronizadas e ;0,21-0,57 para medidas de ganho de peso. Na Tabela 1, são apresentadas estimativas de herdabilidade obtidas em diversos estudos envolvendo raças zebuínas.

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

Autor (es)	Raça	Idade	h²
MAGNABOSCO et al. (2000)	Nelore	205	0,09-0,25
		365	0,27-0,31
		550	0,35-0,38
MARQUES et al. (2000)	Simental	100	0,08
		205	0,13
		365	0,19
		550	0,24
SIQUEIRA et al. (2003)	Nelore	120	0,29-0,58
		455	0,50-0,53
		550	0,44-0,49
SOUZA et al. (2004)	Nelore Mocho	205	0,16
		120	0,35
		210	0,49
FARIA (2006)	Brahman	365	0,39
		450	0,32
		550	0,31
		365	0,49
FARIA et al. (2007)	Nelore	450	0,52
		205	0,20
RIBEIRO et al. (2007)	Tabapuã	365	0,21
		550	0,16
		550	0,16

Valores mais altos de h^2 para características de crescimento têm sido estimados com modelos de regressão aleatória (NOBRE *et al.*, 2003). Empregando esses modelos, ALBUQUERQUE e MEYER (2001), mostraram que as estimativas de h^2 do efeito direto decrescem do nascimento até 120 a 180 dias, ocorrendo incrementos menores até 270 dias. Por outro lado, as estimativas de h^2 do efeito materno aumentam do nascimento até em torno dos quatro meses de idade, decrescendo a seguir. Desta forma, seleção para habilidade materna será mais eficiente se realizada com base em pesos pré-desmama.

1.3.3.2 – Indicativos de precocidade sexual: perímetro escrotal

Nos últimos anos, a maioria dos programas de melhoramento animal tem incluído entre seus critérios de seleção, medidas de perímetro escrotal. Apesar de não possuir valor econômico direto, torna-se uma característica atrativa por ser de fácil mensuração, alta repetibilidade, e com valores de herdabilidade de média a alta magnitude (Tabela 2)

Além disso, o perímetro escrotal encontra-se correlacionado com volume de produção espermática e com a qualidade do sêmen, como evidenciado em estudos com animais Gir e Nelore (MARTINEZ *et al.*, 2000; SILVA *et al.*, 2002). SARREIRO *et al.* (2002) em estudo com animais da raça Nelore, obteve correlações genéticas favoráveis entre perímetro escrotal com motilidade, vigor, concentração e anormalidade: 1,00; 0,99; 0,99 e -0,14, respectivamente. Entretanto, reporta-se que selecionando para perímetro escrotal, o ganho genético correlacionado seria inexpressivo, em vista da herdabilidade para as características de qualidade seminal apresentar baixa magnitude (0,01-0,07).

Adicionalmente ressalta-se na literatura a existência de correlação genética entre esta característica e outras de caráter reprodutivo, mensuradas em fêmeas. PEREIRA *et al.* (2000) e BOLIGON *et al.* (2007) relataram correlações entre o perímetro escrotal com o peso ao primeiro parto (0,3-0,32); a idade ao primeiro parto (-

0,15 - -0,22); dias para parto (-0,04 - -0,21); o intervalo de parto (0,10) e a duração da gestação (-0,04 – 0,14).

Tabela 2 - Estimativas de herdabilidade apresentadas na literatura para perímetro escrotal nas mais diversas idades e raças

Autor (es)	Raça	Idade	h²
MARTINS FILHO e LÔBO (1994)	Nelore	20	0,36
QUIRINO e BERGMANN (1998)	Nelore	18	0,77
		24	0,60
VARGAS et al (1998)	Brahman	18	0,28
PEREIRA et al. (2002)	Nelore	18	0,47
GIANLORENÇO et al. (2003)	Canchim	12	0,52
MARTÍNEZ-VELÁZQUEZ et al. (2003)	Multiracial	12	0,41
OLIVEIRA et al. (2004)	Hereford	14	0,45
SILVEIRA et al. (2004)	Nelore	18	0,39
KEALEY et al (2006)	Hereford	18	0,57
SILVA et al. (2006)	Nelore	18	0,457
BOLIGON et al. (2007)	Nelore	12	0,25
		18	0,33-0,35
FARIA et al. (2007)	Nelore	12	0,68
		15	0,66

1.4 – Referências Bibliográficas

ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. **Journal Animal Science**, Savoy, v.79, p. 2776-2789. 2001.

AGRAFNP. **Anualpec 2006**: anuário da pecuária Brasileira. São Paulo: Instituto FNP, 2006. 364 p.

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

BEAUMONT, M.A.; RANNALA, B. The bayesian revolution in genetics. **Nature Reviews/Genetics**, v.5, p.251-261.2004.

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

BERNARDO, J.M. ; SMITH, A.F.M. **Bayesian Theory.** New Yor : John Wiley & Sons, 1993. 596 p.

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

BIJMA, P. Estimating maternal genetic effects in livestock. **Journal Animal Science, Savoy**, v.84, p.800-806. 2006.

BOLIGON, A.A.; RORATO, P.R.N.; ALBUQUERQUE, L.G. Correlações genéticas entre medidas de perímetro escrotal e características produtivas e reprodutivas de fêmeas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.36, n.3, p.565-571. 2007.

BOX, G.E.P.; TIAO, G.C. **Bayesian inference in statistical analysis.** New York: John Wiley and Sons, 1973. 588 p.

BULMER, M.G. **The mathematical theory of quantitative genetics.** New York: Oxford University Press, 1985. 251 p.

CARNEIRO JÚNIOR, J.M.; ASSIS, G.M.L.; EUCLYDES, R.F.; LOPES, P.S. Influência da informação *a priori* na avaliação genética animal utilizando dados simulados. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.34, n.6, p.1905-1913, 2005.

CASELA, G.; GEORGE, E. I. **Explaining the Gibbs Sampler**. Technical Report No. Bu-1098-MA, Cornell University. 1992.

CHEN, M.H.; SHAO, Q.M.; IBRAHIM, J.G. **Monte Carlo methods in bayesian computation**. New York: Springer-Verlag, 2000. 386 p.

DARWIN, C. **A origem das espécies**. Tradução: John Green. São Paulo: Martin Claret, 2005. 617 p.

EHLERS, R.S. **Métodos computacionalmente intensivos em estatística**. Curitiba: Universidade Federal do Paraná, 2003. 44 p. (Apostila).

EHLERS, R.S. **Introdução à inferência bayesiana**. Curitiba: Universidade Federal do Paraná, 2008. 80 p. (Apostila).

EUCLIDES FILHO, K. **Melhoramento genético animal no Brasil: fundamentos, história e importância**. Campo Grande: EMBRAPA/CNPGC, 1999. 63 p. (EMBRAPA/CNPGC, Documentos, 75).

FARIA, L.C. **Estudo genético quantitativo de características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Brahman no Brasil**. 2006. 117 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Jaboticabal, 2006.

FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; REYES, A.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F.; SAINZ, R.D. Bayesian inference in a quantitative genetic study of growth traits in Nelore cattle (*Bos indicus*). **Genetics and Molecular Biology**, v.30, n.3, p.545-551. 2007.

GARA, A.B.; REKIK, B.; BOUALLÈGUE, M.; Genetic parameters and evaluation of the Tunisian dairy cattle population for milk yield by Bayesian and BLUP analyses. **Livestock Science**, v.100, p.142-149. 2006.

GELMAN, A.; CARLIN, J.B.; STERN, H.S.; RUBIN, D.B. **Bayesian data Analysis**. New York: Chapman & Hall, 2004. 695 p.

GEMAN, S.; GEMAN, D. Stochastic relaxation, Gibbs distributions and the Bayesian restoration of images. **IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence**, v.6, p.721-741, 1984.

GIANLORENÇO, V.K.; ALENCAR, M.M.; TORAL, F.L.B.; MELLO, S.P.; FREITAS, A.R.; BARBOSA, P.F. Herdabilidade e correlações genéticas de características de machos e fêmeas, em um rebanho da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.32, n.6, supl.1, p.1587-1593, 2003.

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

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

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

GIANNOTTI, J.D.G.; PACKER, I.U.; MERCADANTE, M.E.Z. Meta-análise para estimativas de herdabilidade para características de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.34, n.4, p.1173-1180, 2005.

GRESSLER, S.L.; BERGMANN, J.A.G.; PEREIRA, C.S.; PENNA, V.M.; PEREIRA, J.C.C.; GRESSLER, M.G.M. Estudo das associações genéticas entre perímetro escrotal e características reprodutivas de fêmeas Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.29, n.2, p. 427-437, 2000.

HARTLEY, H.O.; RAO, J.N.K. Maximum-likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. **Biometrika**, v.54, p.93-108, 1967.

HARVILLE, D. Bayesian inference for variance components using only error contrast. **Biometrika**, v.61. p. 383-385. 1974.

HENDERSON, C.R. Estimation of variance and covariance components. **Biometrics**, v.17, p. 226-252, 1953.

HENDERSON, C.R. Recent developments in variance and covariance estimation. **Journal Animal Science**, Savoy, v.63, p. 208-216. 1986.

KEALEY, C.G.; MACNEIL, M.D.; TESS, M.W.; GEARY, T.W.; BELLOWS, R.A. Genetic parameter estimates for scrotal circumference and semen characteristics of line 1 Hereford bulls. **Journal Animal Science**, Savoy, v.84, p.283-290, 2006.

LOPES, P.S.; MARTINS, E.N.; SILVA, M.A.; REGAZZI, A.J. **Estimação de componentes de variância**. Viçosa: UFV, 1993. 61 p. (UFV, Caderno Didático, 326).

LOWRY, D.C. Variance components with reference to genetic population parameters. **Biometrics**, v.11, n.2, p. 136-148, 1955.

MAGNABOSCO, C.D.U.; FARIA, C.U.; BORJAS, A.L.R.; LÔBO, R.R.; SAINZ, R.D. **Implementação da amostragem de Gibbs para a estimação de componentes de co-variância e parâmetros genéticos em dados de campo de bovino Nelore.** Planaltina: Embrapa/CPAC, 2001. 48 f. (Documentos, Embrapa/CPAC, 37).

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

MARQUES, L.F.A.; PEREIRA, J.C.C.; OLIVEIRA, H.N.; SILVA, M.A.; BERGMANN, J.A.G. Análise de características de crescimento da raça Simental. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v.52, n.5, p.527-533, 2000.

MARTINEZ, M.L.; VERNEQUE, R.S.; TEODORO, R.L.; PAULA, L.R.O.; CRUZ, M.; CAMPOS, J.P.; RODRIGUES, L.H.; OLIVEIRA, J.; VIEIRA, F.; BRUSCHI, J.H.; DURÃES, M.C. Correlações entre características da qualidade do sêmen e a circunferência escrotal de reprodutores da raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.29, n.3, p. 700-706, 2000.

MARTÍNEZ-VELÁZQUEZ, G.; GREGORY, K.E.; BENNETT, G.L.; VAN VLECK, L.D. Genetic relationships between scrotal circumference and female reproductive traits. **Journal Animal Science**, Savoy, v.81, p.395-401. 2003.

MARTINS FILHO, R.; LÔBO, R.B. Correlações genéticas entre circunferência escrotal e características reprodutivas de fêmeas em bovinos da raça Nelore. **Ciência Agrônômica**, v.25, n.1/2, p.10-15, 1994.

MASCIOLI, A.S.; ALENCAR, M.M. FREITAS, A.R.; MARTINS, E.N. Estudo da interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento de bovinos de corte utilizando-se inferência bayesiana. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.35, n.6, p.2275-2284, 2006.

MAIWASHE, A.N.; BRADFIELD, M.J.; THERON, H.E.; VAN WYK, J.B. Genetic parameter estimates for body measurements and growth traits in South African Bonsmara Cattle. **Livestock Production Science**, v.75, p. 293-300, 2002.

MELLO, S.P.; ALENCAR, M.M.; TORAL, F.L.B.; GIANLORENÇO, K. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento e produtividade em vacas da raça Canchim, utilizando-se inferência bayesiana. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.35, n.1, 2006. p.92-97.

MERCADANTE, M.E.Z. **Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em zebuínos de corte: uma revisão**. 1994. 66 f. Revisão para Exame de Qualificação (Mestrado em Genética) – Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 1994.

MESSETTI, A.V.L.; QUEIROZ, S.C. Método de Monte Carlo: técnica de redução da variância. **Ciênc. Exatas. Tecnol.**, v.1, n.1, p.39-44, 2002.

NOBRE, P.R.C.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; BERTRAND, J.K.; SILVA, L.O.C.; LOPES, P.S. Analyses of growth curves of Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. **Journal Animal Science**, Savoy, v.81, p.918-926. 2003.

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

OLIVEIRA, M.M.; DIONELLO, N.J.L.; CAMPOS, L.T.; ROTA, E.L. Efeitos de fatores ambientais e herdabilidade no perímetro escrotal em bovinos Hereford. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.10, n.3, p.353-356, 2004.

OLIVEIRA, J.H.F.; MAGNABOSCO, C.U.; BORGES, A.M.S.M. **Nelore**: base genética e evolução seletiva no Brasil. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2002. 54 p. (Embrapa Cerrados, Documentos, 49).

OWENS, F.N.; DUBESKI, P.; HANSON, C.F. Factors that alter the growth and development of ruminants. **Journal Animal Science**, Savoy, v.71, p. 3138-3150. 1993.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p.545-554, 1971.

PEIXOTO, A.M. Fatores que interferem no crescimento do gado de corte ate a desmama. In: PEIXOTO, A.M.; MOURA, J.C.; FARIA, V.P. (Ed.). **Bovinocultura de corte**: fundamentos da exploração racional. 2ed. Piracicaba: FEALQ, 1993. P. 129-158.

PEÑA, C.D.O.; QUEIROZ, S.A.; FRIES, L.A.. Comparação entre critérios de seleção de precocidade sexual e a associação destes com características de crescimento em bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.30, n.1, p. 93-100, 2001.

PEREIRA, E.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Correlação Genética Entre Perímetro Escrotal e Algumas Características.Reprodutivas na Raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.29, n.6, p.1676-1683, 2000.

PEREIRA, E.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Análise genética de características reprodutivas na raça Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.5, p.703-708, 2002.

QUIRINO, C.R.; BERGMANN, J.A.G. Heritability of scrotal circumference unadjusted for body weight in Nelore bulls using univariate and bivariate animal models. **Theriogenology**, New York, v.49, n.7, p.1389-1396, 1998.

RAFTERY, A. E.; LEWIS, S. How many iterations in the Gibbs sampler? In: BERNARDO, J. M.; BERGER, J. O.; DAWID, A. P.; SMITH, A. F. M. (Ed.). **Bayesian Statistics**. Oxford: University Press, 1992. p. 763-773b.

RAO, C.R. Estimation of variance and covariance components – MINQUE theory. **Journal Multi. Anal.**, v.1, p.257-275, 1971a.

RAO, C.R. Minimum variance quadratic unbiased estimation of variance components. **Journal Multi. Anal.**, v.1, p.445-456, 1971b.

RAO, P.S.R.S. **Variance components estimation**: mixed models, methodologies and applications. New York: Chapman & Hall/CRC, 1997. 204 p.

RESENDE, M.D.V. **Inferência bayesiana e simulação estocástica (Amostragem de Gibbs) na estimação de componentes de variância e de valores genéticos em plantas perenes**. Colombo: Embrapa/CNPQ, 2000. 68 f. (Embrapa/CNPQ, Documentos, 46).

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

RIBEIRO, M.C.R. **Alguns aspetos computacionais em estatística Bayesiana**. 2001.90 f. Dissertação (Mestrado em Probabilidades e Estatística) – Universidade de Lisboa, Lisboa, 2001.

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

SARREIRO, L.C.; BERGMANN, J.A.G.; QUIRINO, C.R.; PINEDA, N.R.; FERREIRA, V.C.P.; SILVA, M.A. Herdabilidade e correlação genética entre perímetro escrotal, libido e características seminais de touros Nelore. **Arquivos Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v.54, n.6, 2002.

SILVA, A.E.D.F.; UNANIAN, M.M.; CORDEIRO, C.M.T.; FREITAS, A.R. Relação da circunferência escrotal e parâmetros da qualidade do sêmen em touros da raça Nelore, PO. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.31, n.3, p.1157-1165, 2002.

SILVA, J.A.IV.; FORMIGONI, I.B.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Genetic relationship among stayability, scrotal circumference and post-weaning weight in Nelore cattle. **Livestock Science**, v.99, p.51-59. 2006.

SILVEIRA, J.C.; McMANUS, C.; MASCIOLI, A.S.; SILVA, L.O.C.; SILVEIRA, A.C.; GARCIA, J.A.S.; LOUVANDINI, H. Fatores ambientais e parâmetros genéticos para características produtivas e reprodutivas em um rebanho Nelore no Estado do Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.33, n.6, p.1432-1444, 2004.

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

SORENSEN, D. **Gibbs sampling in quantitative genetics**. *Intern Report*, n.82, Danish Institute of Animal, Department of Breeding and Genetics, Denmark, 1996.

SOUZA, M.C.A.; FERRAZ FILHO, P.B.; SILVA, L.O.C.; MACHADO, C.H.M. Efeitos genéticos e ambientais sobre pesos à desmama de bovinos da raça Nelore mocha, na região pecuária oeste São Paulo-Paraná. **Archives of Veterinary Science**, v.9, n.2, p.113-118, 2004.

SUN, L.; HSU, J.S.J.; GUTTMAN, I.; LEONARD, T. Bayesian methods for variance component models. **Journal of the American Statistical Association**, v.91, n.434, 1996. P.743-752.

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

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

VAN TASSEL, C. P.; CASELLA, G.; POLLAK, E. J. Effects of selection on estimates of variance components using Gibbs sampling and restricted maximum likelihood. **Journal of Dairy Science**, Savoy, v. 78, p. 678-692, 1995.

VARGAS, C.A.; ELZO, M.A.; CHASE, C.C.; CHENOWETH, P.J.; OLSO, T.A. Estimation of genetic parameters for scrotal circumference, age at puberty in heifers and hip height in Brahman cattle. **Journal Animal Science**, Savoy, v.76, p. 2536-2541, 1998.

WINTER, E.M.W.; ALMEIDA, M.I.M.; OLIVEIRA, E.G.; MARTINS, E.N.; NATEL, A.S.; SUREK, D. Aplicação do método Bayesiano na estimação de correlações genéticas e fenotípicas de peso em codornas de corte e várias idades. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.35, n.4 (supl.), p.1684-1690, 2006.

YAMAKI, M. **Estimação de parâmetros genéticos de produção de leite e de gordura da raça Pardo-Suiça, utilizando metodologias freqüentistas e bayesiana.** 2006. 71 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2006.

WALSH, B. **MCMC and Gibbs sampler.** Disponível em: <<http://nitro.biosci.arizona.edu/courses/EEB519A-2007/EEB519A.html>>. Acesso em: 20 de fevereiro de 2008.

CAPÍTULO 2 – ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE (CO)VARIÂNCIA DE CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO NA RAÇA NELORE, UTILIZANDO –SE DE ABORDAGEM BAYESIANA

RESUMO –

Em vista da importância da bovinocultura, torna-se imprescindível a utilização de novas tecnologias, dentre as quais se encontra o melhoramento genético dos animais. Para tanto torna-se necessário o emprego de métodos que viabilizem o aumento da precisão das estimativas. Assim, utilizando informações de medidas de peso e perímetro escrotal de animais da raça Nelore, objetivou-se avaliar a implementação de um modelo multi-característica sob enfoque bayesiano, para se estimar componentes de (co)variância e parâmetros populacionais genéticos e ambientais. Uma amostra de 54.182 animais foi utilizada para estudar as seguintes características: a) pesos padronizados às idades de 120 (P120), 210 (P210), 365 (P365), 450 (P450) e 550 (P550) dias; b) perímetro escrotal às idades padrão de 365 (PE365), 450 (PE450) e 550 (PE550) dias; c) ganhos de peso entre as idades 120/210 (GP1), 210/365 (GP2), 365/450 (GP3) e 450/550 (GP4) e; d) crescimento escrotal nos intervalos de 365/450 (CP1) e 450/550 (CP2). As análises foram realizadas empregando-se o software GIBBS2F90, assumindo um modelo animal para oito características: P120, PE365 e ganhos de peso e perímetro escrotal. Os efeitos fixos considerados foram o grupo de contemporâneos e a idade da vaca ao parto em classes (para P120 e GP1), e como aleatórios os efeitos aditivos diretos, aditivo materno e de ambiente permanente materno, sendo os dois últimos utilizados apenas para P120 e o GP1. Os componentes de (co)variância das demais características foram obtidos mediante propriedades da soma de variâncias. As herdabilidades diretas estimadas foram 0,17; 0,19; 0,13; 0,15; 0,33; 0,19; 0,23; 0,24; 0,35; 0,37; 0,39; 0,52; 0,56; e; 0,48 para GP1, GP2, GP3, GP4, CP1, CP2, P120, P210, P365, P450, P550, PE365, PE450 e PE550, respectivamente. Os valores de correlação genética variaram de -0,025 (GP3/PE550) a 0,97 (PE450/PE550). Verificou-se que as características a idades padrão apresentam maior variabilidade genética que as medidas intervalares, o que as indica

como critérios de seleção que possibilitaria uma melhor resposta a seleção. Entretanto, os ganhos de peso surgem como uma alternativa uma vez que apresentam menores correlações com diferentes pesos, indicando que a seleção baseada em seu aumento não acarretará grandes incrementos no peso ao nascer e adulto destes animais. Com relação a implementação do método bayesiano em um modelo multi-características, verificou-se eficiente apesar do pequeno número de amostras efetivas geradas em alguns parâmetros, indicando a necessidade de um maior número de interações.

Palavras-chaves: análises multi-características, amostrador de Gibbs, raça Nelore, peso, perímetro escrotal

INTRODUÇÃO

O Brasil apresenta o maior rebanho comercial de bovinos do mundo, cujo efetivo é composto, em sua maioria, por animais zebuínos (*Bos indicus*), dentre os quais se destaca a raça Nelore. As vantagens competitivas destes animais no país são sobejamente conhecidas e podem ser sumariadas pela capacidade de produção em sistemas com baixo nível e má distribuição da oferta de nutrientes, sob condições climáticas e sanitárias adversas. Sustentado na importância dessa raça, tem-se verificado nos últimos anos, um número crescente de programas de melhoramento, visando o aumento do potencial produtivo.

O sucesso de um programa de melhoramento animal está relacionado com a escolha de critérios de seleção que condizem com o objetivo a que se pretende alcançar (EUCLIDES FILHO, 1999). Por serem determinantes da quantidade de produto final por animal em gado de corte e também por serem mais fáceis de obter e analisar, a grande maioria, ou talvez mesmo a totalidade, dos programas de melhoramento de gado de corte no Brasil inclui, entre as características avaliadas, pesos em idades padrão ou ganhos de peso entre essas idades (PEIXOTO, 1993; EUCLIDES FILHO, 1999). Estas características, além de apresentarem variabilidade genética que possibilite consideráveis ganhos por seleção – visto os valores de herdabilidade moderados a altos (GARNERO et al., 2001; SIQUEIRA et al., 2003; ALBUQUERQUE & EL FARO, 2008; YOKOO et al., 2008) – apresentam também considerável correlação com outras características de importância econômica.

Como critério indicativo de precocidade sexual, os programas de melhoramento genético em gado de corte têm adotado o perímetro escrotal. Apesar de não possuir valor econômico direto, é de fácil obtenção, tem correlação com o volume de produção espermática e com a qualidade do sêmen (MARTINEZ et al., 2000; SARREIRO et al., 2002; SILVA et al., 2002), com características de crescimento (PEÑA et al., 2001; MAIWASHE et al., 2002; FARIA et al., 2007), e com características reprodutivas em fêmeas (BOLIGON et al., 2007).

A seleção em qualquer programa de melhoramento genético se baseia na estimação acurada dos valores genéticos para as características utilizadas como critérios de seleção. Quando mais de uma característica é considerada – situação esta necessária, visto que a produção de carne não se resume apenas ao peso do animal – deve-se desenvolver um índice, onde os valores genéticos são ponderados por sua importância econômica, determinada mediante forma empírica ou por análises financeiras. Seja qual for a forma de ponderação, para uma utilização racional do índice, deve-se conhecer de forma acurada as correlações entre as características.

Partindo desta necessidade, um grande avanço nos procedimentos de estimação de (co)variâncias foi a implementação de modelos de características múltiplas (MEYER, 1991) que possibilitam, através da incorporação de informações providas da correlação entre as características, aumentar a acurácia das avaliações, minimizando o efeito da seleção (POLLAK et al., 1983), sendo tal habilidade dependente das correlações genéticas e ambientais entre as características avaliadas (SCHAEFFER, 1983).

O método da máxima verossimilhança restrita – REML, descrito por PATTERSON e THOMPSON (1971), vem sendo comumente utilizado para a obtenção dos componentes de variância necessários à predição dos valores genéticos de bovinos. Entretanto, os resultados da estimação de componentes de variância por este método, assim como em todos os métodos freqüentistas de estimação, são pontuais, e não permitem outras inferências, além daquelas proporcionadas pelo valor da estimativa e de sua variância. Além disto, o custo computacional cresce exponencialmente com o número de componentes estimados em cada análise, dificultando o emprego de modelos com mais de três características. Assim, de forma a possibilitar estimações mais acuradas e o emprego de modelos multi-características mais complexos, tem-se notado nos últimos anos o emprego de métodos bayesianos de estimação de componentes de variância. Tida inicialmente como uma solução para a avaliação genética em características de limiar (GIANOLA, 1982; GIANOLA & FOLLEY, 1983). Teve, posteriormente sua aplicação direcionada para características

de manifestação contínua (GIANOLA & FERNANDO, 1986), motivada pelo surgimento de métodos computacionais intensivos, como o Amostrador de Gibbs.

O objetivo deste trabalho é, utilizando-se modelos lineares mistos em análises conjuntas de até oito características - via inferência bayesiana – obter a matriz de variâncias e covariâncias completa para as diferentes fases de crescimento corporal e testicular até os 550 dias de idade na raça Nelore.

MATERIAIS E MÉTODOS

Métodos de amostragem e consistência dos dados

Foram utilizados registros de mensurações ponderais e circunferência escrotal de animais da raça Nelore, coletados pelo Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN), desenvolvido pela ANCP (Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores). As características de desenvolvimento ponderal estudadas foram os pesos padronizados às idades de 120 (P120), 205 (P205), 365 (P365), 450 (P450) e 550 (P550) dias e os ganhos de peso nos intervalos entre as idades: 120/210 (GP1), 210/365 (GP2), 365/450 (GP3) e 450/550 (GP4) dias. Para o perímetro escrotal utilizaram-se de medidas nas idades padronizadas de 365 (PE365), 450 (PE450) e 550 (PE550) dias, e o crescimento nos intervalos de 365/450 (CP1) e 450/550 (CP2) dias.

Inicialmente, o banco de dados possuía informações de aproximadamente 400.000 animais, entretanto uma pré-análise mostrou a impossibilidade de utilização do banco de dados completo, devido a limitações computacionais. Assim, optou-se por realizar uma aleatorização para escolha das propriedades que iriam ser analisadas, resumindo-se o banco de dados a 54.182 animais, de 18 propriedades, e uma matriz de parentesco com 82.692 animais.

Procedeu-se então a análise exploratória dos dados com o objetivo de verificar a consistência dos dados. Eliminaram-se do arquivo animais cujos registros se apresentavam a três e meio desvios padrão da média do grupo de contemporâneos

(GC). Além disso, excluiu-se do banco de dados os GC que eram formados pela progênie de um único touro e também aqueles com menos de cinco animais. Para a formação dos GC, utilizaram-se das seguintes variáveis: fazenda atual, ano e bimestre de nascimento, sexo e grupos de manejo aos 120, 210, 365, 450 e 550 dias de idade. Tais lotes eram compostos por animais que receberam o mesmo manejo do nascimento até a data de realização da mensuração. Os principais parâmetros para descrição do banco de dados estão na Tabela 1.

Tabela 1- Descrição do banco de dados utilizado para as análises genéticas

Característica	N ¹	Média	D.P.	Mín.	Máx.	N.G.C. ²	N.P ³	N.M ⁴
GP1 (kg)	45.139	57,74	14,09	-2,00	130,00	1.238	1.061	19.936
GP2 (kg)	35.237	52,37	25,27	-41,00	183,00	890	988	16.925
GP3 (kg)	31.917	40,73	16,03	-37,00	128,00	833	979	15.805
GP4 (kg)	20.738	46,88	20,15	-23,00	133,00	622	765	12.084
P120 (kg)	50.956	127,60	19,07	57,00	199,00	1.150	1.090	21.576
P210 (kg)	47.772	185,64	27,88	78,00	312,00	1.238	1.097	20.723
P365 (kg)	39.588	238,83	40,14	101,00	452,00	852	1.064	1.439
P450 (kg)	36.540	278,84	47,66	118,00	559,00	719	1.023	17.402
P550 (kg)	23.146	319,82	53,69	142,00	606,00	177	808	13.158
PE365 (cm)	12.428	20,26	2,02	12,10	30,30	362	713	8.665
PE450 (cm)	14.715	23,43	2,81	12,70	36,30	298	736	9.640
PE550 (cm)	7.896	26,51	3,22	13,50	38,60	176	533	6.013
CP1 (cm)	10.241	3,20	1,30	-1,50	8,90	298	652	7.403
CP2 (cm)	6.717	3,44	1,34	-1,40	9,10	205	486	5.216

¹ número de animais com informações; ² número de grupos de contemporâneos;

³ número de pais; ⁴ número de mães

Modelo e análise genético-quantitativa

Procedeu-se uma análise multi-características, sob enfoque bayesiano, envolvendo, simultaneamente, o P120, o PE365, os ganhos de peso (GP1, GP2, GP3 e GP4) e os crescimentos do perímetro escrotal (CP1 e CP2) entre as idades padronizadas, totalizando oito características. Posteriormente, as estimativas dos componentes de variância para as demais características estudadas foram obtidas mediante os princípios de soma de variâncias e co-variâncias, como descrito a seguir:

$$Var(x + y) = Var(x) + Var(y) + 2Cov(x, y)$$

$$\text{Cov}(x, y + z) = \text{Cov}(x, y) + \text{Cov}(x, z)$$

Em termos matriciais, o modelo completo utilizado para análise pode ser representado por:

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

em que, y , β , a , m , c e e são, respectivamente, os vetores de observações dos efeitos fixos, dos valores genéticos aditivos diretos, valores genéticos aditivos maternos, efeitos de ambiente permanente materno e dos efeitos residuais aleatórios; X , Z_1 , Z_2 e W são, respectivamente, as matrizes de incidência que associam β , a , m e c às observações. Os efeitos maternos – tanto o genético aditivo quanto o de ambiente permanente materno – foram limitados aos P120 e GP1 (e, posteriormente a P210), uma vez que a influência materna é maior nestas características. Consideraram-se como efeitos fixos o grupo de contemporâneos, além da idade da vaca ao parto em classes, para as características pré-desmama.

Sobre o modelo estabelecem-se as seguintes pressuposições:

$$\begin{bmatrix} a \\ m \\ c \\ e \end{bmatrix} \sim N(0, V) \quad V = \begin{bmatrix} G \otimes A & & \\ & Ep \otimes I_n & \\ & & R \otimes I_n \end{bmatrix}$$

em que, G , A , Ep , R e I , são nesta mesma ordem, as matrizes de co-variâncias de efeitos genéticos aleatórios, de coeficientes de parentesco, diagonal de variância de efeitos de ambiente permanente materno, co-variâncias residuais e uma matriz identidade, e \otimes é o operador do produto direto entre matrizes. Para G , temos que:

$$G = \begin{bmatrix} G_d & 0 \\ 0 & G_m \end{bmatrix}$$

sendo G_d e G_m , representações das matrizes de efeitos genéticos aditivos diretos e maternos respectivamente, lembrando-se que no referido estudo, não foi considerada a co-variância entre tais efeitos.

A não inclusão deste último efeito, se deve as discordâncias apresentadas na literatura, sendo encontrados frequentemente valores negativos (ELER et al., 1995; FERREIRA et al., 1999), e em menor frequência positivos (DODENHOFF et al., 1999) e as justificativas para a ocorrência do antagonismo entre o efeito direto e materno são controversas. Adicionalmente em diversas pesquisas, tem-se verificado que a inclusão da covariância nos modelos tem apresentado nenhum ou pouco impacto sobre as estimativas de componentes de (co)variância e classificação dos animais pelos valores genéticos (MALHADO et al., 2004; GUTERRES et al., 2007).

Os vetores β , a , m e c , são parâmetros de locação de uma distribuição condicional $y | \beta, a, m, c$. Foi assumido “*a priori*” para β uma distribuição uniforme, que reflete um conhecimento prévio vago sobre este vetor. Para os demais componentes, lhes foram atribuídas distribuições Wishart. Assim, a distribuição de y , dados os parâmetros de locação e escala, foi assumida como (CANTET et al., 1992; VAN TASSEL & VAN VLECK, 1996):

$$y | \beta, a, m, c, R \sim N[X\beta + Z_1a + Z_2m + Wc, I_n R]$$

Empregou-se o programa GIBBS2F90 (MISZTAL, 2007), sendo gerada uma cadeia com comprimento de 1.131.500 ciclos, após um período de burn-in de 30.000 ciclos. As amostras foram armazenadas a cada 100 ciclos. Tanto o período de burn-in, quanto o intervalo de amostragem, foram estabelecidos empiricamente. A inspeção pós-gibbs foi realizada utilizando-se o programa Gibanal (VAN KAAM, 1997), para verificar a convergência e o número de amostras significativas.

Os parâmetros populacionais foram calculados a partir das amostras vetor a vetor, sendo estimados a média, mediana e moda das distribuições “*a posteriori*”. Estimaram-se também os intervalos de alta densidade (IAD), como sugerido por CHEN et al. (2000). Para seu cálculo, as amostras eram ordenadas, e sendo estabelecido um intervalo de 95%, procedia-se à análise do menor intervalo que continha esta porcentagem das amostras.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Por meio da análise das cadeias geradas pelo amostrador de Gibbs, com o programa Gibanal, pode-se constatar que o período de descarte inicial assumido (30.000 amostras) foi suficiente para determinar a convergência da cadeia. Contudo, devido ao grande número de parâmetros envolvidos nas análises, ficou evidente grande correlação serial entre as amostras, reduzindo significativamente seu número efetivo, que variou de 101 a 1614. O número reduzido de amostras tomadas em alguns casos pode dificultar a obtenção de estimativas precisas da distribuição posterior das amostras, mas parece suficiente para obtenção das medidas de tendência central e variação utilizadas neste trabalho. Pôde-se verificar poucas diferenças entre as médias, modas e medianas indicando uma possível simetria na maioria das distribuições “*a posteriori*” dos parâmetros. Assim, para fins de apresentação dos resultados e discussão, apenas a média como medida de tendência central da distribuição posterior do parâmetro.

De uma forma geral constatou-se grande variação nas estimativas de herdabilidade das várias características estudadas, sendo obtidos valores de baixa a alta magnitude. Tanto para peso como para a circunferência escrotal, as medidas nas idades padrão apresentaram estimativas de herdabilidade superiores às dos ganhos.

Os ganhos de peso (Tabela 2) apresentaram estimativas de herdabilidade de baixa magnitude, inferiores às apresentadas por PANETO et al. (2002), para a raça Nelore. Naquele trabalho, os autores, empregando o método REML em análises uni-características, obtiveram herdabilidades de 0,32, 0,16, 0,21 e 0,23 para GP120-240,

GP240-365, GP365-455 e GP455-550, respectivamente. Entretanto, as estimativas aqui obtidas se mostraram superiores às relatadas por CUCCO (2008), na raça Pardo-Suiça de Corte: 0,12 (GP120-205), 0,12 (GP205-365), 0,13 (365-450) e 0,05(GP450-365).

Tabela 2 - Estatísticas descritivas das amostras das distribuições posteriores dos componentes de variância e parâmetros genéticos referentes aos ganhos de peso entre as idades de 120 e 210 (GP1), 210 e 365 (GP2), 365 e 450 (GP3) e 450 e 550 dias (GP4).

Carac.	Parâmetros ¹	A.E. ²	Média	Moda	Mediana	D.P. ³	IAD(95%) ⁴
GP1	σ_a^2	566	18,21	18,20	18,20	1,36	15,67-20,71
	σ_e^2	754	79,76	79,43	79,76	1,01	77,94-81,62
	σ_m^2	147	4,47	4,58	4,46	0,67	3,31-5,76
	σ_{pm}^2	101	5,89	5,89	5,87	0,68	4,51-7,16
	h_d^2	566	0,17	0,17	0,17	0,01	0,15-0,19
	h_m^2	147	0,04	0,04	0,04	0,01	0,03-0,05
	c^2	101	0,05	0,05	0,05	0,01	0,04-0,07
GP2	σ_a^2	565	40,54	39,57	40,52	2,77	34,78-45,66
	σ_e^2	471	170,58	170,81	170,55	2,41	164,10-174,6
	h_d^2	565	0,19	0,19	0,19	0,01	0,17-0,22
GP3	σ_a^2	377	16,56	16,50	16,53	1,53	13,79-19,52
	σ_e^2	707	115,51	115,29	115,5	1,44	112,5-118,10
	h_d^2	377	0,13	0,12	0,13	0,01	0,11-0,15
GP4	σ_a^2	323	25,96	25,56	25,82	2,63	20,59-30,26
	σ_e^2	566	152,87	152,80	152,80	2,35	148,00-157,40
	h_d^2	323	0,15	0,14	0,15	0,01	0,12-0,17

¹ σ_a^2 : variância aditiva direta; σ_e^2 : variância residual; σ_m^2 : variância aditiva materna; σ_{pm}^2 : variância devida ao efeito permanente materno; h_d^2 : herdabilidade restrita direta; h_m^2 : herdabilidade restrita materna; c^2 : porção da variância fenotípica atribuída ao efeito de ambiente permanente materno.

² número de amostras efetivas; ³ Desvio-padrão; ⁴ Intervalo de alta densidade

Com relação aos pesos padronizados, as estimativas de herdabilidade apresentaram valores de magnitude moderada (Tabela 3), indicando que parte substancial da variação nestas características é determinada pela ação aditiva dos genes, e que podem responder de forma satisfatória ao processo de seleção. Os valores obtidos para estas características encontram-se dentro dos limites das estimativas de herdabilidade relatadas na literatura para a raça Nelore: 0,19-0,29; 0,19-0,26; 0,20-0,45; 0,33-0,48 e 0,34-0,49 para P120, P210 (ou idades próximas: 205 e 240 dias), P365, P450 e P550, respectivamente (GARNERO et al., 2001; GUNSKI et

al., 2001; MAGNABOSCO et al., 2001; SIQUEIRA et al., 2003; ALBUQUERQUE & EL FARO, 2008; YOKOO et al., 2008). Com relação a outras raças zebuínas, os valores foram superiores aos relatados para animais Tabapuã (FERRAZ FILHO et al., 2002) e Guzerá (SILVA, 2004).

Tabela 3 - Estatísticas descritivas das amostras das distribuições posteriores dos componentes de variância e parâmetros genéticos referentes aos pesos padronizados aos 120 (P120), 210 (P210), 365 (P365), 450 (P450) e 550 (P550) dias de idade.

Carac.	Parâmetros ¹	A.E. ²	Média	Moda	Med.	D.P. ³	IAD(95%) ⁴
P120	σ_a^2	754	50,75	50,82	50,73	3,10	44,55-56,58
	σ_e^2	942	121,53	122,01	121,50	1,94	117,2-125,20
	σ_m^2	377	23,42	23,00	23,27	2,23	19,54-27,70
	σ_{pm}^2	210	25,72	25,75	25,71	1,84	22,25-29,32
	h_d^2	754	0,23	0,23	0,23	0,01	0,20-0,26
	h_m^2	377	0,11	0,11	0,11	0,01	0,09-0,13
	c^2	283	0,12	0,12	0,12	0,01	0,10-0,13
P210	σ_a^2	707	102,28	102,98	102,39	6,38	90,59-114,70
	σ_e^2	943	226,56	227,04	226,65	4,08	218,92-234-47
	σ_m^2	404	41,64	40,50	41,73	4,02	34,40-49,66
	σ_{pm}^2	453	54,64	53,41	54,59	3,48	48,10-61,39
	h_d^2	566	0,24	0,24	0,24	0,01	0,21-0,27
	h_m^2	404	0,10	0,10	0,10	0,01	0,08-0,12
	c^2	453	0,13	0,13	0,13	0,01	0,11-0,15
P365	σ_a^2	941	173,01	175,61	173,01	9,27	154,40-190,80
	σ_e^2	1.414	322,38	321,17	322,28	6,44	310,74-335,26
	h_d^2	706	0,35	0,35	0,35	0,02	0,32-0,38
P450	σ_a^2	1.614	234,88	236,54	234,76	12,11	211,84-258,46
	σ_e^2	1.414	409,15	413,70	409,49	8,33	392,12-424,36
	h_d^2	942	0,37	0,36	0,36	0,02	0,34-0,40
P550	σ_a^2	1.615	336,42	332,64	336,06	16,43	302,32-367,68
	σ_e^2	1.413	533,29	534,18	533,46	11,94	509,29-556,40
	h_d^2	1.413	0,39	0,38	0,39	0,02	0,35-0,42

¹ σ_a^2 : variância aditiva direta; σ_e^2 : variância residual; σ_m^2 : variância aditiva materna; σ_{pm}^2 : variância devida ao efeito permanente materno; h_d^2 : herdabilidade restrita direta; h_m^2 : herdabilidade restrita materna; c^2 : porção da variância fenotípica atribuída ao efeito de ambiente permanente materno.

² número de amostras efetivas; ³ Desvio-padrão; ⁴ Intervalo de alta densidade

Com relação aos efeitos maternos (Tabelas 2 e 3), as estimativas apresentaram baixa magnitude, tanto para a herdabilidade (h_m^2) quanto para a porção atribuída ao efeito de ambiente permanente (c^2). É interessante notar que o peso aos 120 dias apresentou o maior valor em ambos os parâmetros, e que após os 120 dias a importância dos efeitos maternos reduz-se consideravelmente na raça Nelore.

GUNSKI et al (2001) obtiveram valores de h^2_m e c^2 de 0,16 e 0,11, para peso aos 120 dias; e 0,10 e 0,09 para peso aos 240 dias. Trabalhando com as mesmas características, GARNERO et al. (2001) obtiveram valores similares aos autores citados anteriormente: 0,12 e 0,06; 0,095 e 0,10, para h^2_m e c^2 . Ambos trabalhos mostram redução na importância dos efeitos maternos após os 120 dias, concordando com o presente trabalho. Entretanto, para ganho de peso entre 120 e 240 dias, PANETO et al. (2000) obtiveram estimativa de herdabilidade de 0,13, bem superior ao valor encontrado neste estudo para um período semelhante (GP 120 – 210). A discrepância apresentada com o resultado deste último estudo pode ser atribuída ao fato de que os autores citados não incluíram no modelo o efeito de ambiente permanente materno, o que pode ter inflado a estimativa da variância aditiva materna.

Para o crescimento escrotal (Tabela 4), excetuando o CP2, as características apresentaram valores moderados para a herdabilidade. Para o crescimento escrotal, a literatura apresentou valor inferior para CP1 e similar para CP2, na raça Nelore (PANETO et al., 2002). Para as medidas de perímetro escrotal às idades padrão, tem-se uma grande variedade de resultados para PE365 e PE450, sendo raros os trabalhos com PE550. As estimativas obtidas foram superiores as reportadas por GRESSLER et al. (2000) e BOLIGON et al. (2007): 0,24-0,26 para PE365, e 0,31-0,37 para PE450. Todavia, valores de 0,57-0,68 e 0,53-0,66 para PE365 e PE450, respectivamente, foram relatados por ELER et al. (2006) e FARIA et al. (2007). Em estudo que envolveu as três medidas, YOKOO et al. (2008), para raça Nelore, e FARIA (2006) na raça Brahman, encontraram valores da ordem de 0,48 e 0,37; 0,53 e 0,27 e; 0,42 e 0,19 para PE365, PE450 e PE550, respectivamente.

Tabela 4 - Estatísticas descritivas das amostras das distribuições posteriores dos componentes de variância e parâmetros genéticos referentes a mensurações de perímetro escrotal nas idades padrão de 365 (PE365), 450 (P450) e 550 (P550) dias; e para o crescimento apresentado entre estes períodos: 365 e 450(CP1) e 450 e 550 dias (CP2).

Carac.	Parâmetros ¹	A.E. ²	Média	Moda	Med.	D.P. ³	IAD(95%) ⁴
PE365	σ_a^2	629	1,52	1,52	1,52	0,10	1,34-1,70
	σ_e^2	754	1,41	1,41	1,41	0,07	1,26-1,52
	h_d^2	629	0,52	0,51	0,52	0,03	0,47-0,57
CP1	σ_a^2	313	0,44	0,45	0,44	0,04	0,36-0,53
	σ_e^2	322	0,91	0,92	0,90	0,04	0,84-0,98
	h_d^2	313	0,33	0,33	0,31	0,03	0,27-0,38
PE450	σ^2	629	2,98	3,01	2,99	0,19	2,61-3,34
	σ_e^2	628	2,36	2,29	2,36	0,14	2,12-2,63
	h_d^2	628	0,56	0,57	0,56	0,03	0,50-0,61
CP2	σ_a^2	140	0,26	0,25	0,25	0,05	0,18-0,36
	σ_e^2	147	1,14	1,15	1,14	0,05	1,05-1,22
	h_d^2	113	0,19	0,18	0,18	0,03	0,13-0,25
PE550	σ_a^2	470	3,82	3,71	3,81	0,26	3,33-4,32
	σ_e^2	268	4,07	4,06	4,06	0,18	3,72-4,43
	h_d^2	628	0,48	0,49	0,49	0,02	0,44-0,52

¹ σ_a^2 : variância aditiva direta; σ_e^2 : variância residual; h_d^2 : herdabilidade restrita direta;

² número de amostras efetivas; ³ Desvio-padrão; ⁴ Intervalo de alta densidade

É possível notar também (Figura 1), que as estimativas de herdabilidade para os pesos as idades padrão, tendem a aumentar com a idade do animal. Isto tem sido notado por diversos autores e se justifica pelo fato de que grande parte dos genes que atuam sobre o peso em uma idade atua também sobre o peso nas idades posteriores, enquanto os efeitos aleatórios de ambiente que atuam sobre os pesos em idades subseqüentes tendem a se cancelar.

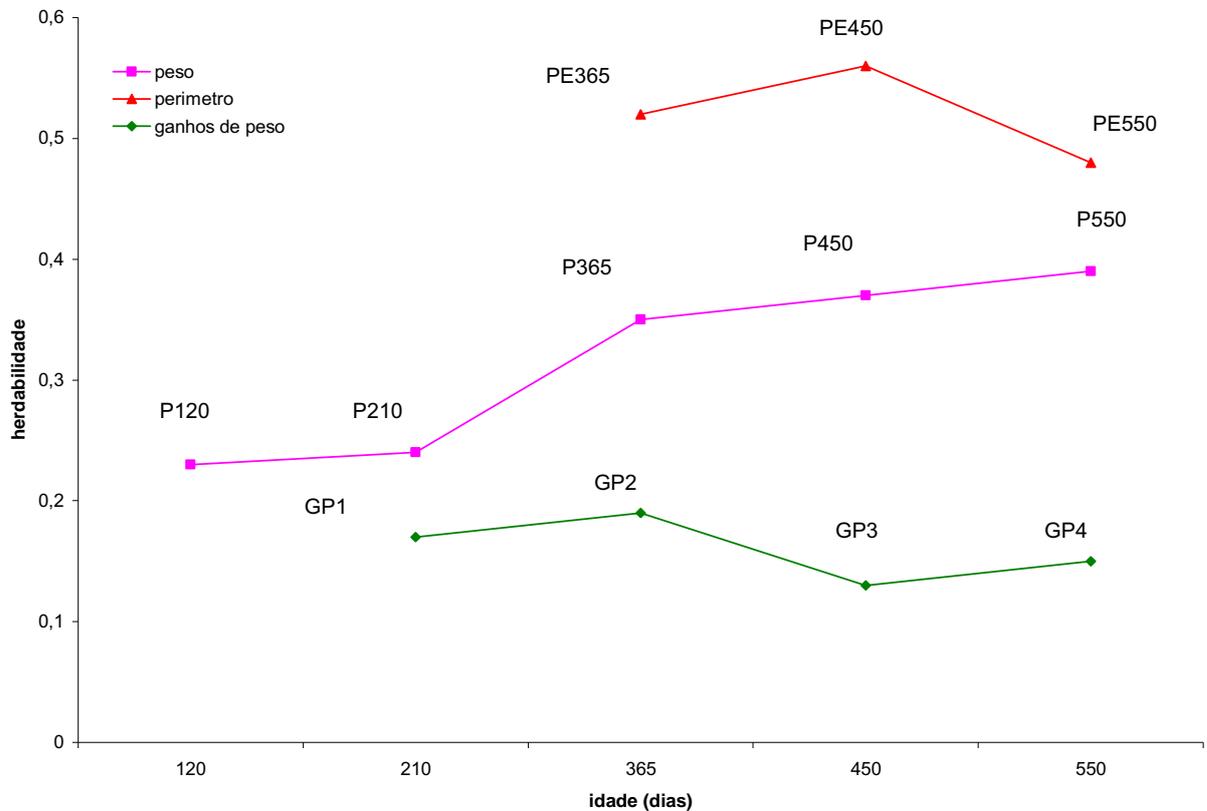


Figura 1 - Incremento da estimativa de herdabilidade com relação à idade do animal.

No entanto, este fenômeno não pode ser observado quando considerado os perímetros escrotais a idades padronizadas ou os ganhos de peso em intervalos. Para os primeiros o crescimento da herdabilidade é notório até os 450 dias, a partir de então ocorre uma queda; enquanto para os segundos, temos um pico de no GP2, o que não era esperado em função de ser esta a fase em que os animais sofrem com a desmama e com a estiagem (na maior parte dos rebanhos), sendo a fase em que os animais apresentam a menor taxa de ganho médio diário. É interessante notar que para os quatro períodos, considerando-se o número de dias em cada uma deles, a variância residual teve aumento linear, enquanto a variância genética oscilou aleatoriamente. A queda observada em GP3 pode talvez ser justificada pelo crescimento compensatório, que pode ter ocasionado uma maior uniformidade entre os animais reduzindo a variância genética. No que se refere ao PE550 verificou-se que

o crescimento da variância aditiva direta se realizou a taxas menores que a da variância ambiental, o que culminou com uma queda na estimativa da herdabilidade. Isto pode ser conseqüência do menor número de registros disponíveis para análise nesta idade.

Visto as estimativas de herdabilidade obtidas, a seleção baseada em medidas nas idades padrão (peso e perímetro escrotal) se mostra mais interessante, uma vez que parte substancial das diferenças entre indivíduos é atribuída ao efeito médio dos genes. Assim, poder-se-ia obter uma reposta a seleção mais rápida, quando comparado às medidas de crescimento intervalar. Entretanto, a escolha de um critério de seleção não depende somente do quanto a característica é passível de transmissão à progênie, deve-se considerar também sua correlação com outras características e sua importância econômica.

Para um exame mais detalhado das estimativas dos parâmetros genéticos – diretos e maternos – das características estudadas são mostradas as densidades das distribuições “*a posteriori*” (Figura 2, 3 e 4). Por exame visual, verifica-se que estas distribuições apresentam-se próximas da normalidade, fato este a se considerar uma vez que utilizado um grande número de ciclos. Mas, nota-se que em alguns casos – herdabilidade direta para PE450, P450 e CP2; e porção de efeito de ambiente permanente materno para P210 – apresentou uma forma bimodal, o que indica que o número de amostras foi ainda pequeno para a realização das inferências.

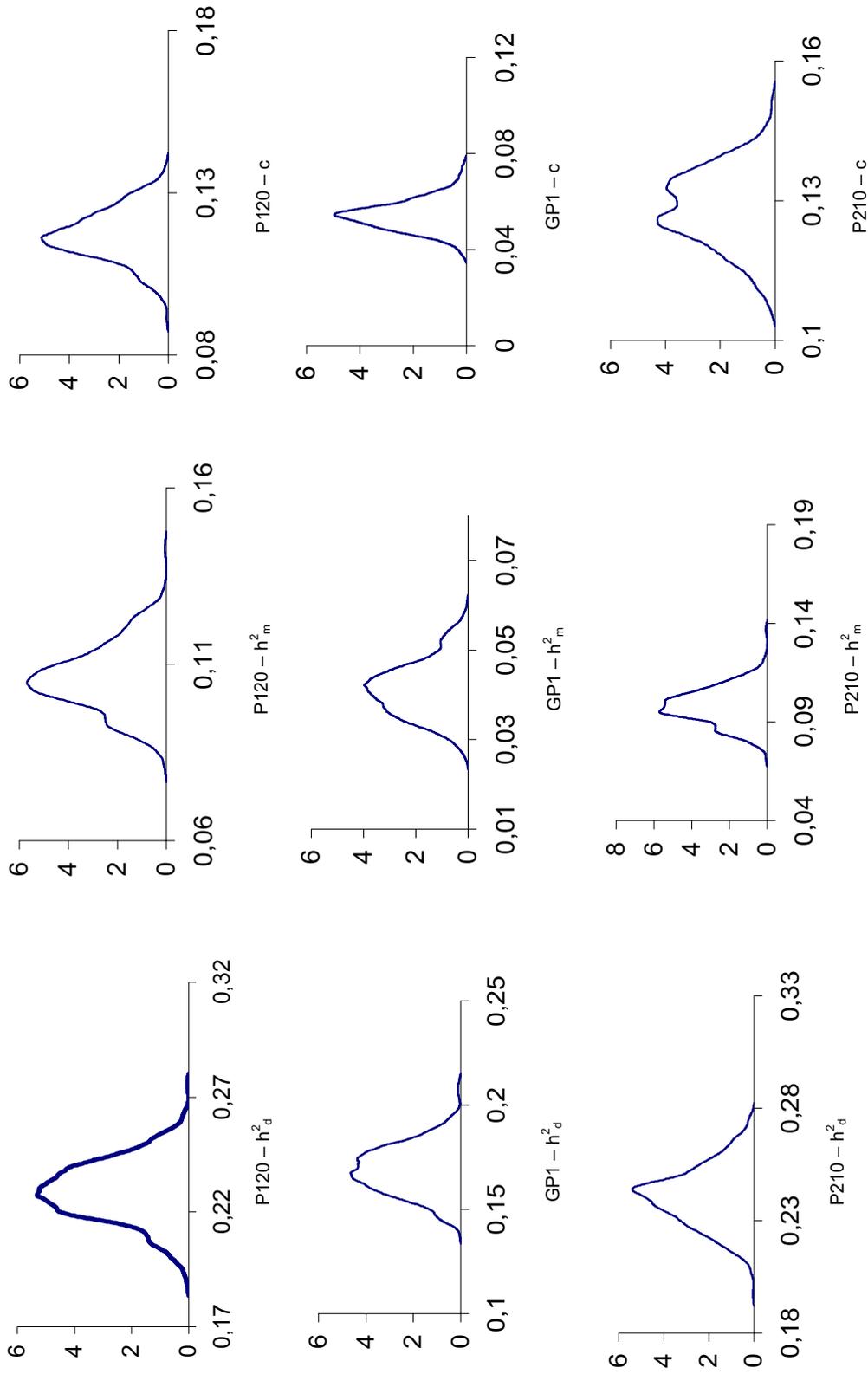


Figura 2 - Densidades “a posterioris” das estimativas para a herdabilidade direta (h^2_d), materna (h^2_m) e porção do efeito permanente materno (c) nas características pesos padronizados aos 120 e 210 dias, e o ganho de peso neste intervalo.

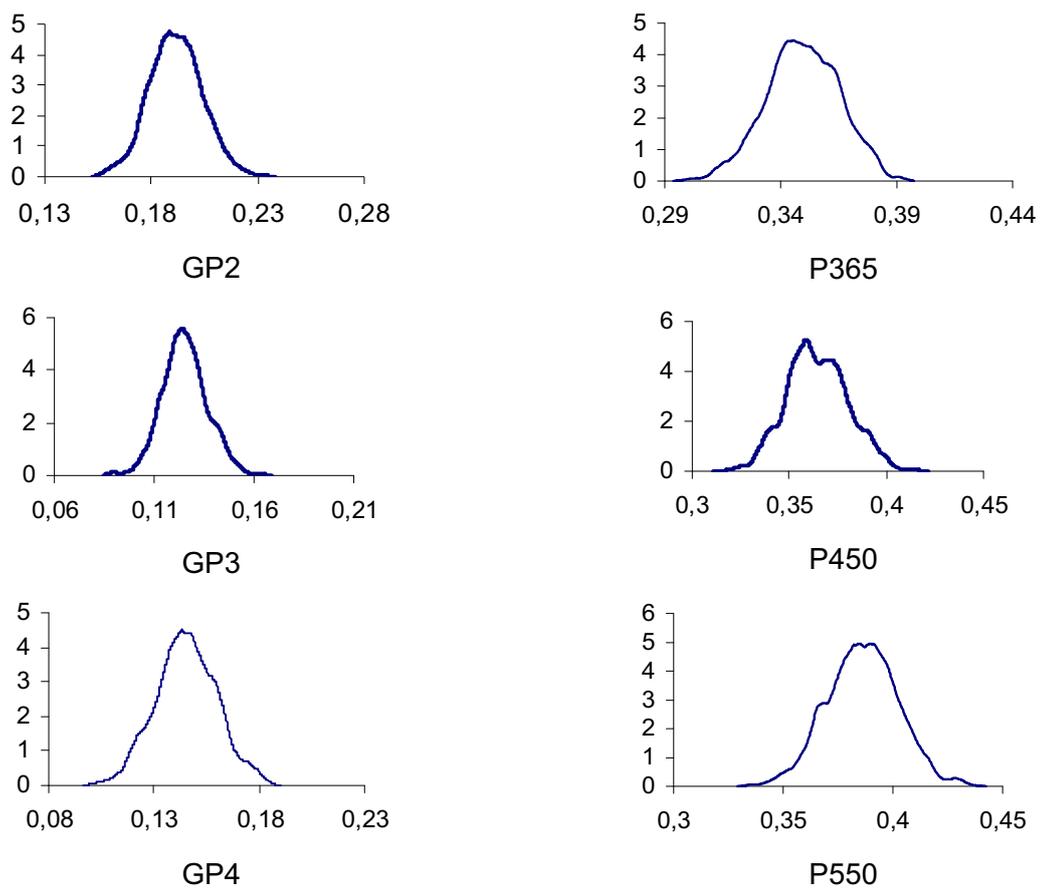


Figura 3 - Densidades "a posteriori" das estimativas para a herdabilidade direta para pesos padronizados as idades de 365, 450 e 550 dias e ganhos de peso entre estes períodos.

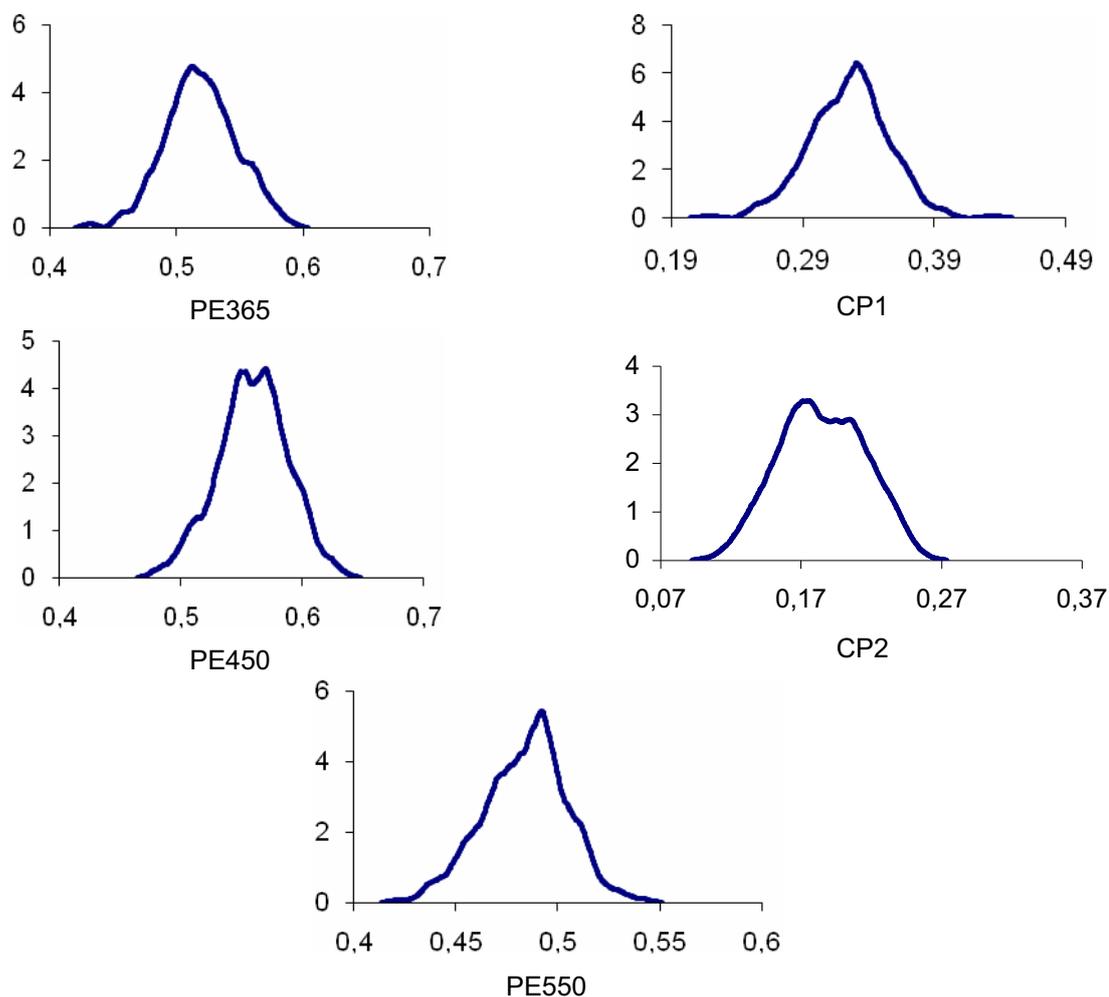


Figura 4 - Densidades “a posteriori” das estimativas para a herdabilidade direta para medidas de circunferência escrotal padronizadas a idades de 365, 450 e 550 dias e crescimento entre estes períodos.

No tocante às correlações genéticas, (Tabela 5), verifica-se a existência de grande variação nos valores, inclusive alguns negativos (próximos de zero), variando de -0,03 (GP3/PE550) a 0,96 (PE450/PE550). Primeiramente serão feitas considerações sobre as correlações dentro de cada grupo de características - as ponderais e as escrotais - e, posteriormente, entre elas.

Tabela 5 – Estimativas das médias “a posteriori” e desvio-padrões (entre parênteses) das correlações genéticas (triangular superior) e ambientais (triangular inferior) entre características de crescimento e reprodutivas na raça Nelore

	P120	P210	P365	P450	P550	GP1	GP2	GP3	GP4	PE365	PE450	PE550	CP1	CP2
P120	-	0,94 (0,01)	0,78 (0,02)	0,73 (0,02)	0,69 (0,02)	0,55 (0,04)	0,12 (0,05)	0,24 (0,05)	0,29 (0,06)	0,49 (0,04)	0,41 (0,04)	0,40 (0,04)	0,16 (0,06)	0,13 (0,09)
P210	0,81 (0,004)	-	0,88 (0,01)	0,82 (0,01)	0,81 (0,01)	0,81 (0,02)	0,24 (0,05)	0,25 (0,05)	0,42 (0,05)	0,56 (0,03)	0,49 (0,04)	0,48 (0,04)	0,24 (0,06)	0,17 (0,09)
P365	0,58 (0,01)	0,70 (0,01)	-	0,97 (0,004)	0,95 (0,01)	0,80 (0,02)	0,66 (0,03)	0,43 (0,05)	0,47 (0,05)	0,53 (0,03)	0,49 (0,03)	0,49 (0,04)	0,28 (0,05)	0,24 (0,08)
P450	0,52 (0,01)	0,61 (0,01)	0,85 (0,003)	-	0,97 (0,004)	0,73 (0,03)	0,70 (0,02)	0,63 (0,04)	0,48 (0,06)	0,44 (0,03)	0,41 (0,03)	0,42 (0,04)	0,25 (0,05)	0,22 (0,09)
P550	0,49 (0,01)	0,59 (0,01)	0,73 (0,006)	0,85 (0,004)	-	0,76 (0,03)	0,67 (0,03)	0,60 (0,04)	0,68 (0,04)	0,42 (0,04)	0,38 (0,04)	0,41 (0,04)	0,22 (0,05)	0,27 (0,08)
GP1	0,13 (0,01)	0,69 (0,01)	0,47 (0,01)	0,39 (0,01)	0,39 (0,01)	-	0,36 (0,05)	0,18 (0,06)	0,52 (0,06)	0,50 (0,04)	0,47 (0,04)	0,46 (0,05)	0,31 (0,06)	0,16 (0,10)
GP2	-0,14 (0,01)	-0,19 (0,01)	0,57 (0,01)	0,46 (0,01)	0,33 (0,01)	-0,15 (0,01)	0,05 (0,05)	0,50 (0,05)	0,31 (0,06)	0,22 (0,05)	0,23 (0,04)	0,23 (0,04)	0,19 (0,06)	0,24 (0,09)
GP3	0,01 (0,01)	-0,02 (0,01)	-0,07 (0,012)	0,47 (0,01)	0,37 (0,01)	-0,05 (0,01)	-0,08 (0,01)	-	0,27 (0,07)	-0,07 (0,05)	-0,03 (0,05)	-0,03 (0,06)	0,04 (0,07)	0,02 (0,11)
GP4	0,07 (0,01)	0,11 (0,01)	-0,02 (0,014)	-0,06 (0,01)	0,48 (0,01)	0,09 (0,01)	-0,15 (0,01)	-0,08 (0,01)	-	0,18 (0,06)	0,15 (0,06)	0,22 (0,06)	0,05 (0,07)	0,32 (0,10)
PE365	0,32 (0,02)	0,39 (0,02)	0,52 (0,019)	0,49 (0,02)	0,44 (0,02)	0,27 (0,02)	0,26 (0,02)	0,06 (0,02)	0,02 (0,02)	-	0,96 (0,01)	0,91 (0,01)	0,63 (0,05)	0,26 (0,08)
PE450	0,29 (0,02)	0,36 (0,02)	0,48 (0,022)	0,53 (0,02)	0,52 (0,02)	0,25 (0,02)	0,24 (0,02)	0,21 (0,02)	0,09 (0,03)	0,79 (0,01)	-	0,97 (0,01)	0,83 (0,02)	0,33 (0,08)
PE550	0,27 (0,02)	0,33 (0,02)	0,40 (0,025)	0,44 (0,03)	0,50 (0,03)	0,22 (0,02)	0,21 (0,02)	0,15 (0,02)	0,21 (0,02)	0,50 (0,03)	0,69 (0,03)	-	0,83 (0,03)	0,54 (0,07)
CP1	0,08 (0,02)	0,09 (0,02)	0,13 (0,022)	0,25 (0,02)	0,28 (0,02)	0,06 (0,02)	0,07 (0,02)	0,26 (0,02)	0,12 (0,02)	0,02 (0,03)	0,64 (0,02)	0,49 (0,03)	-	0,36 (0,09)
CP2	0,08 (0,02)	0,10 (0,02)	0,07 (0,023)	0,06 (0,02)	0,20 (0,02)	0,06 (0,02)	-0,02 (0,02)	-0,01 (0,02)	0,27 (0,02)	-0,19 (0,04)	-0,14 (0,04)	0,43 (0,04)	0,01 (0,03)	-

Ganhos de peso: GP1(120-210 dias); GP2 (210-365 dias); GP3 (365-450 dias); GP3 (450-550 dias); GP3 (365-450 dias); GP3 (450-550 dias).
Crescimento escrotal: CP1 (365-450 dias); CP2 (450-550 dias).

Entre os pesos padronizados, observaram-se valores entre 0,69 (P120/P550) à 0,97 (P365/P450 e P450/P550). Valores maiores de correlação entre pesos as idades de 210, 365, 450 e 550 foram relatados por YOKOO et al. (2007), estando todos acima de 0,90. As magnitudes das estimativas encontradas corroboram os resultados de ALBUQUERQUE & EL FARO (2008), que utilizando de modelos de dimensão finita e infinita, obtiveram valores de 0,87-0,97, 0,71-0,81, 0,55-0,69, 0,87-0,95, 0,75-0,86 e 0,98-0,99, para as correlações entre os pesos 120/205, 120/365, 120/550, 205/365, 205/550 e 365/550 dias, respectivamente. Magnitudes similares às deste estudo foram também reportadas para a raça Guzerá (MACHADO et al. 2002; MUCARI & OLIVEIRA, 2003) e Tabapuã (DIAS et al., 2006).

Entre os ganhos de peso, porém, observaram-se valores menores de correlação, variando de 0,18 (GP1/GP3) a 0,52 (GP1/GP4). FERNANDES & FERREIRA (2000), utilizando-se de sete diferentes modelos estatísticos, encontraram valores de menor magnitude (-0,19 a 0,00) para correlações entre ganhos de peso do nascimento à desmama e ganho pós-desmama. SARMENTO et al. (2003) relatam correlações de ordem semelhantes às do presente estudo, para ganho médio diário: 0,44 (GP do nascimento à desmama/ GP desmama-365 dias), 0,22 (GP nascimento – desmama e GP 365 – 550 dias) e 0,30 (GP desmama-365 dias e GP 365-550 dias).

Quando consideradas as correlações genéticas entre as medidas ponderais intervalares e as padronizadas, estas apresentaram valores positivos e magnitude bastante variável, desde 0,12 (GP2/P120) até 0,81 (GP1/P210). De uma forma geral, para GP1, GP2, GP3 e GP4, as menores correlações foram com o P120. Analisando dados referentes a ganhos de peso em animais da raça Pardo-Suiço, CUCCO (2008) obteve valores de correlação de magnitudes semelhantes às do presente estudo: 0,31 (GP120/205) a 0,99 (GPnasc-120/P120). MASCIOLI et al. (2000), em análise genética de peso ao nascimento, 240, 365, 550 e 730 dias e os ganhos de peso entre eles, em bovinos da raça Canchim, obtiveram valores de magnitudes diversas, inclusive negativos entre P550 e o ganho de peso entre esta idade e 730 dias (-0,26). Os demais valores variaram de 0,36 a 0,97.

Para as mensurações escrotais em idades padrão, verificam-se valores de correlação de alta magnitude, estando todos acima de 0,90. Entre as taxas de crescimento escrotal, no entanto, a correlação genética foi de 0,36. Altas correlações podem ser observadas entre CP1 e as medidas a idades padrão (0,63 - 0,83), o que não foi constatado para CP2. Valores semelhantes de correlação entre medidas escrotais a idades padrão foram encontradas por YOKOO et al. (2007): 0,96 (PE365 e PE450), 0,76 (PE365 e PE550) e 0,91 (PE450 e 550). Corroborando com estes resultados, SESANA et al. (2007) relataram valores que variaram de 0,79-0,97 entre medidas de perímetro escrotal aos 9, 12, 15, 18 e 21 meses de idade.

Com relação às correlações genéticas entre os grupos de características, é possível verificar baixos valores entre as mensurações de GP e CP (0,04 -0,32); entre os GP e os PE (inclusive negativas quando considerado o ganho de peso entre 365 e 450 dias) e entre os pesos e CPs, (excetuando-se a correlação entre P210 e CP2). Já entre os pesos e PEs em idades padrão, os valores foram moderados e positivos (entre 0,382 e 0,557). Dentre os pesos o que apresentou-se altamente correlacionada com as medidas escrotais foi o P210.

Deve-se ressaltar que muitas das correlações genéticas entre as características apresentam algum tipo de estrutura reconhecível, fato este também observado em outros estudos. Na figura 5, temos que a magnitude das correlações é proporcional ao diâmetro das esferas, sendo para valores negativos é atribuído textura diferenciada. Primeiramente, entre as medidas padronizadas, verifica-se que quanto mais próximas são duas características, maior a correlação entre elas apresentadas. Com relação aos ganhos de peso, não é possível verificar uma estrutura clara das correlações, entretanto, parece que são menores entre medidas mais próximas. Os GP sempre apresentam correlações maiores com os pesos ajustados para a idade do limite superior do intervalo que determina o GP e, para cada GP, as maiores correlações são com os pesos nos quais ele está incluído. Estas considerações podem ser estendidas para as medidas escrotais, embora sua visualização seja menos evidente.

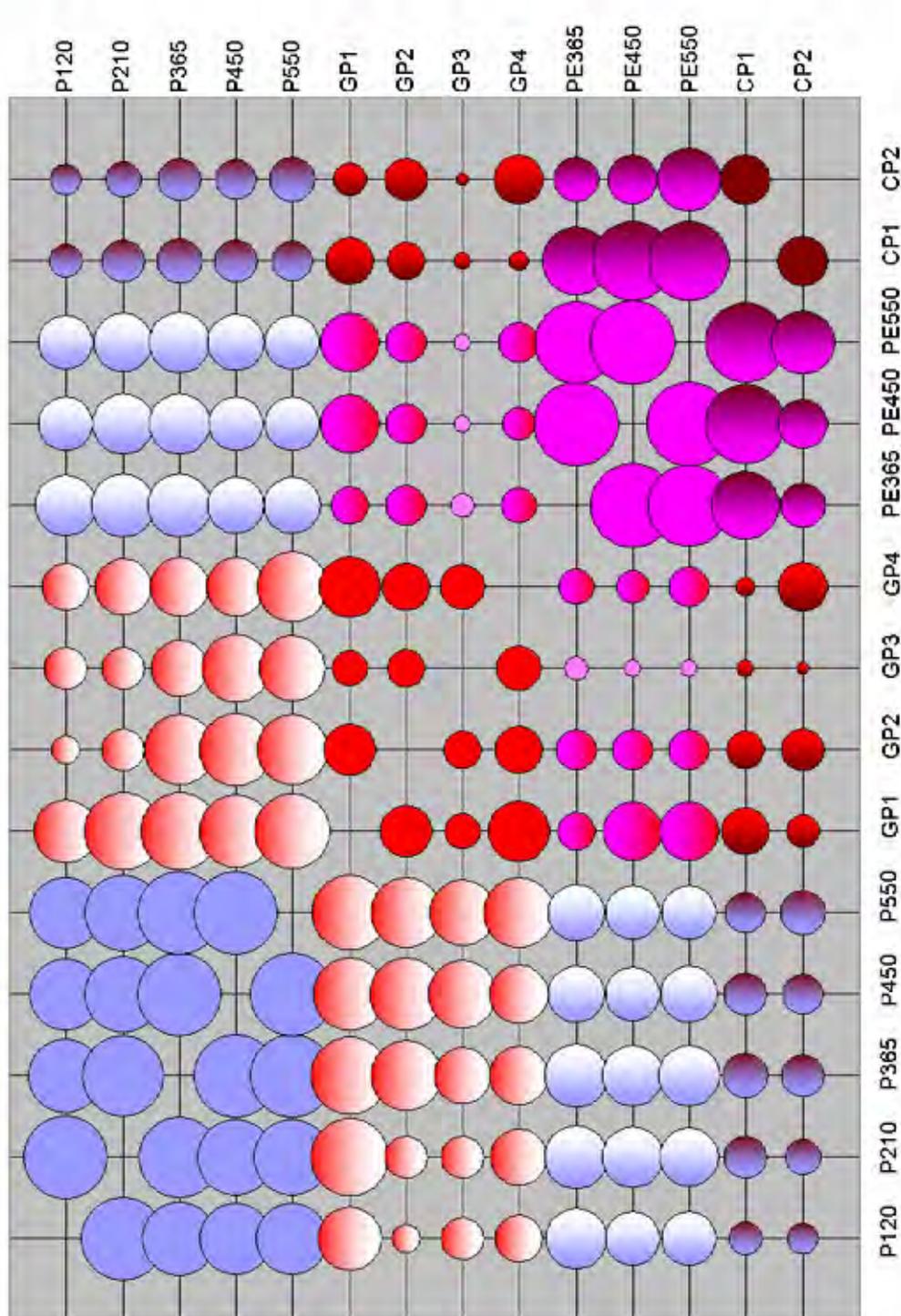


Figura 5 - Representação gráfica das correlações genéticas entre as características ponderais e de perímetro escrotal.

Como as correlações entre os pesos as idades padrão são maiores do que entre os ganhos de peso, e ainda considerando-se as herdabilidades dos dois grupos de características, conclui-se que a seleção com base em pesos padrão possibilita maiores ganhos diretos e indiretos. A Figura 6 apresenta o ganho genético por geração por idade, quando a seleção é praticada para cada um dos pesos considerados, com intensidade de seleção de uma unidade. Verifica-se primeiramente que, exceto para o P210, a seleção direta é sempre a forma mais eficiente de se aumentar o peso em determinada idade. E segundo lugar, pode-se observar que a seleção para o peso em uma idade, é quase tão eficiente para aumentar os pesos nas idades anteriores, quanto a seleção direta para a idade anterior. Como consequência disto, a seleção para P550 parece ser a maneira mais eficiente de selecionar todos os pesos. Observa-se ainda que a utilização de qualquer um dos pesos pós desmama como critério de seleção traria respostas bem semelhantes, mas a seleção com base em pesos pré-desmama poderia reduzir significativamente a resposta.

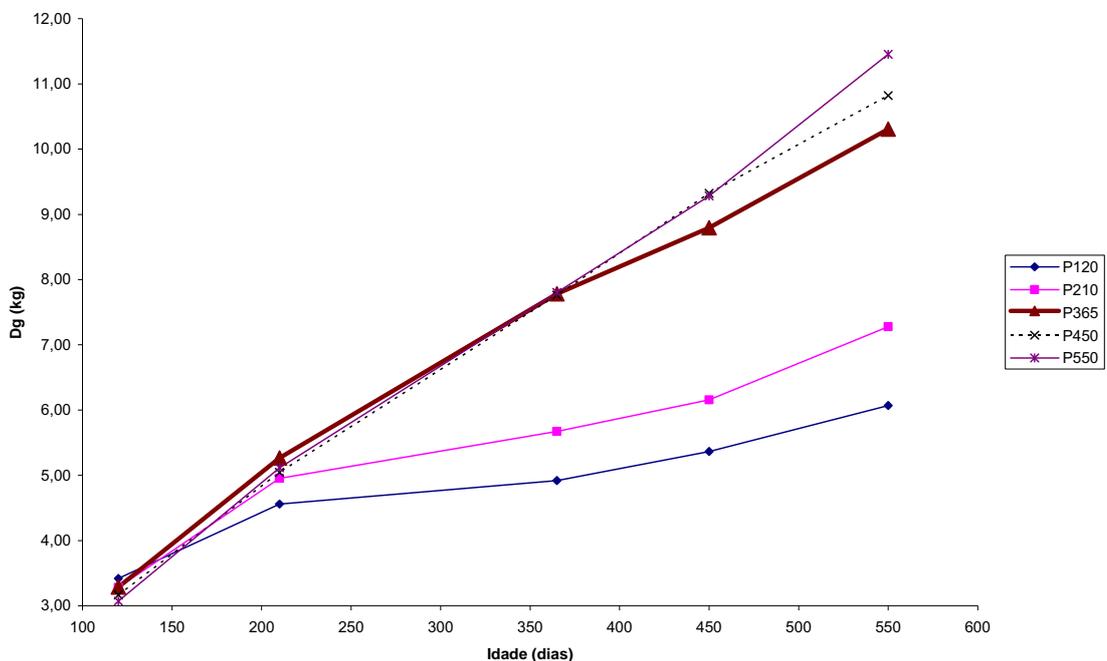


Figura 6 – Ganhos genéticos esperados (Dg) nos pesos dos animais de acordo com a idade, em função da característica a utilizada como critério de seleção.

Deve ser lembrado que embora o P550 seja mais eficiente como critério de seleção, a escolha deve levar em conta a importância das características para o criador e o custo de manutenção dos animais até a idade de mensuração.

Em função da sua menor correlação genética com pesos em longo prazo, os ganhos de peso, mesmo apresentando taxas de ganho genético menores, poderiam ser interessantes para seleção em razão da necessidade de não se aumentar o peso ao nascer e adulto dos animais, que acarretaria aumento de distocia e do custo de manutenção de matrizes e reprodutores. Entretanto, é necessário a coleta de dados para se chegar a esta opção.

Considerando a alta correlação genética apresentada entre as medidas de perímetro escrotal nas idades padrão, recomenda-se a inclusão de apenas uma para compor um índice de seleção. Mesmo que o PE450 apresente maior resposta à seleção – em virtude da maior influência da ação aditiva dos genes – o PE365 se constitui estrategicamente uma opção, uma vez que possibilita a escolha de reprodutores em idade mais precoce. Além disto, como o perímetro escrotal não apresenta valor econômico direto, é importante considerar a correlação entre estas medidas e as medidas reprodutivas de importância econômica para se obter os resultados. O CP1 pode ser adotado como critério por expressar de forma mais acurada a precocidade sexual dos animais, além de apresentar ganhos de seleção satisfatórios, em virtude da magnitude de sua estimativa de herdabilidade e correlações com as medidas escrotais nas idades padrão. Assinala-se, entretanto, a necessidade da realização de outros estudos que quantifiquem a correlação entre o CP1 com outras características reprodutivas, tanto de machos (volume e qualidade de sêmen) como de fêmeas (intervalos de partos, dias ao parto).

Com relação às correlações residuais (Tabela 5) os maiores valores observados foram entre pesos padronizados (0,49-0,84) e entre perímetros (0,5-0,79), sendo compatíveis com os achados por MACHADO et al. (1999), FERRAZ FILHO et al. (2002) e YOKOO et al.(2008). Entre as medidas intervalares (GP e CP), as correlações residuais foram de baixa magnitudes, sendo freqüentemente encontrados valores negativos entre mensurações subseqüentes. Valores negativos e de baixa

magnitude foram também verificados entre GP e pesos (-0,14 a 0,69) e entre CP e perímetros (-0,19 a 0,64).

Na figura 7, seguindo o mesmo sistema proposto na Figura 5, podemos visualizar uma possível estrutura entre as correlações residuais. Entre os pesos e medidas escrotais a idades padrão, percebe-se uma maior correlação ambiental com medidas próximas, indicando que quanto mais distantes são realizadas duas medidas, mais distintas são as condições ambientais e os efeitos genéticos não aditivos que influenciam estas. Uma estrutura não pode ser verificada, quando se consideram os ganhos de peso entre si, más quando se consideram as correlações entre os ganhos e os peso à idades padrão, nota-se que semelhante ao contexto genético, a maior correlação é observada entre o GP e a medida padrão de seu limite superior. Além disso, as menores correlações são estabelecidas com medidas anteriores, inclusive estimativas negativas. Pode-se notar também, que as maiores correlações residuais entre as medidas padrão de peso e perímetro escrotal, ocorrem nas idades em que ambos são medidas.

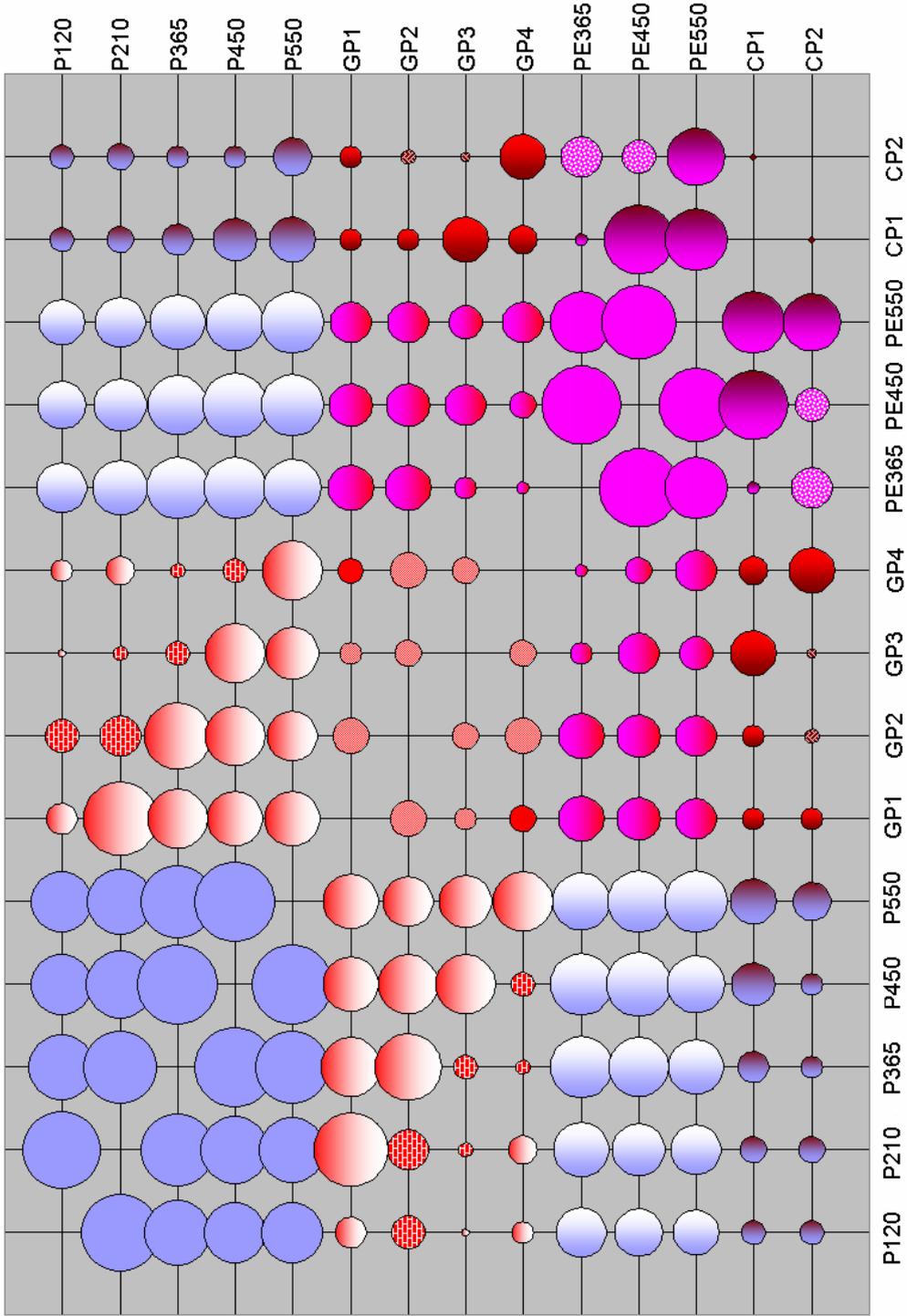


Figura 7 - Representação gráfica das correlações ambientais entre as características ponderais e de perímetro escrotal.

Os valores negativos apresentados indicam que ambientes favoráveis a algumas medidas podem ser desfavoráveis a outras. O fato de isso ocorrer, principalmente entre medidas cronologicamente próximas, pode indicar que as mudanças climáticas ao longo do ano são as principais responsáveis, apesar de os grupos de contemporâneos incluírem o efeito de época de nascimento. Em especial o GP2, referente ao período imediatamente pós-desmama apresenta as correlações mais negativas com as outras medidas, portanto, animais que apresentaram condições ótimas no período entre 210 e 365 dias de idade, tiveram desempenho prejudicado em outros períodos. Estas baixas correlações negativas podem ser decorrentes de ganhos compensatórios seguindo os períodos de maior restrição. Assim, por exemplo, o período em que a maioria dos animais sofre maior restrição alimentar é imediatamente após a desmama, que normalmente ocorre no final das águas. Apesar disto, as correlações genéticas apresentam valores positivos, sugerindo que a maioria dos genes atua no mesmo sentido em ambientes diversos.

As maiores herdabilidades dos pesos e PEs tomados em idades padrão, quando comparados com os ganhos de pesos e crescimento do perímetro escrotal parece ser também decorrente dos menores valores das correlações residuais em comparação às correlações genéticas entre os ganhos. Este fato também explica o crescimento das herdabilidades dos pesos e perímetros com o aumento da idade dos animais.

CONCLUSÕES

Por meio dos resultados aqui apresentados, verifica-se que as características estudadas apresentam variabilidade genética, o que torna possível sua inclusão em um processo seletivo, e resposta a seleção considerável. Dentre as medidas ponderais, verificou-se que os pesos padronizados, são mais interessantes que as taxas de ganhos em virtude não somente de suas maiores herdabilidades, assim como pelas correlações genéticas, entre elas apresentadas. As medidas de perímetro escrotal encontram parâmetros de alta magnitude, sendo que entre as medidas de

perímetro a idades padronizadas, a inclusão de apenas uma delas em programa de melhoramento genético se faz necessária, visto a alta correlação entre as mesmas.

A utilização de pesos pós-desmama seria mais interessante em função da maior resposta observada em todo o período.

Com relação a utilização da inferência bayesiana, no desenvolvimento de avaliações multi-características com modelos complexos – acima de 3 atributos – esta se mostrou eficiente visto que as análises pós-gibbs, mesmo em alguns casos com pequeno número de amostras efetivas, se mostrou eficiente uma vez que não somente a convergência foi atingida mas, muitos dos valores se assemelham aos apresentados na literatura.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBUQUERQUE, L.G.; EL FARO, L. Comparações entre os valores genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Nelore preditos com modelos de dimensão finita e infinita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.37, n.2, p.238-246, 2008.

BOLIGON, A.A.; RORATO, P.R.N.; ALBUQUERQUE, L.G. Correlações genéticas entre medidas de perímetro escrotal e características produtivas e reprodutivas de fêmeas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.36, n.3, p.565-571. 2007.

CANTET, R.J.C.; FERNANDO, R.L.; GIANOLA, D. Bayesian inference about dispersion parameters of univariate mixed models with maternal effects: theoretical considerations. **Genetics, Selection and Evolution**, v.24, p.107-135, 1992.

CHEN, M.H.; SHAO, Q.M.; IBRAHIM, J.G. **Monte Carlo methods in bayesian computation**. New York: Springer-Verlag, 2000. 386 p.

CUCCO, D.C. **Estimativa de parâmetros genéticos para características de crescimento e perímetro escrotal na raça Pardo Suíço Corte**. 2008. 93 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Faculdade de Zootecnia e engenharia de Alimentos - USP, Pirassununga, 2008.

DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G.; TONHATI, H.; TEIXEIRA, R.A. Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.35, n.5, p.1915-1925, 2006.

DODENHOFF, J.; VAN VLECK, L.D.; GREGORY, K.E. Estimation of direct, maternal, and grandmaternal genetic effects for weaning weights in several breeds of beef cattle. **Journal Animal Science**, v.77, p.840-845, 1999.

ELER, J.P.; VAN VLECK, L.D.; FERRAZ, J.B.; LÔBO, R.B. Estimation of variance due to direct and maternal effects for growth traits of Nelore cattle. **Journal Animal Science**, v.73, p. 3253-3258, 1995.

ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; BALIEIRO, J.C.C.; MATTOS, E.C.; MOURÃO, G.B. Genetic correlation between heifer pregnancy and scrotal circumference measured at 15 and 18 months of age in Nelore cattle. **Genetics and Molecular Research**, v.5, n.4, p.569-580, 2006.

EUCLIDES FILHO, K. **Melhoramento genético animal no Brasil: fundamentos, história e importância**. Campo Grande: EMBRAPA/CNPGC, 1999. 63 p. (EMBRAPA/CNPGC, Documentos, 75).

FARIA, L.C. **Estudo genético quantitativo de características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Brahman no Brasil**. 2006. 117 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Jaboticabal, 2006.

FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; REYES, A.L.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F.; SAINZ, R.D. Bayesian inference in a quantitative genetic study of growth traits in Nelore cattle (*Bos indicus*). **Genetics and Molecular Biology**, v.30, n.3, p.545-551. 2007.

FERNANDES, H.D.; FERREIRA, G.B. Estudo comparativo de sete diferentes modelos estatísticos para as características ganho de peso em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.29, n.5, p.1340-1348, 2000.

FERRAZ FILHO, P.B.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C.; SOUZA, J.C.; ALENCAR, M.M.; MALHADO, C.H.M. Tendência genética dos efeitos direto e materno sobre os pesos à desmama e pós-desmama de bovinos da raça Tabapuã no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.31, n.2, p.635-640, 2002.

FERREIRA, G.B.B.; MACNEIL, M.D.; VAN VLECK, L.D. Variance components and breeding values for growth traits from different statistical models. **Journal Animal Science**, v.77, p.2641-2650, 1999.

GARNERO, A.V.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F.; OLIVEIRA, H.N. Comparação entre alguns critérios de seleção para crescimento na Raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.30, n.3, p.714-718, 2001.

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

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

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

GRESSLER, S.L.; BERGMANN, J.A.G.; PEREIRA, C.S.; PENNA, V.M.; PEREIRA, J.C.C.; GRESSLER, M.G.M. Estudo das associações genéticas entre perímetro escrotal e características reprodutivas de fêmeas Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.29, n.2, p. 427-437, 2000.

GUNSKI, R.J.; GARNERO, A.V.; BORJAS, A.R.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. Estimativas de parâmetros genéticos para características incluídas em critérios de seleção em gado de corte. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.31, n.4, p.603-607, 2001.

GUTERRES, L.F.W.; RORATO, P.R.N.; BOLIGON, A.A.; WEBER, T.; KIPPERT, C.J.; LOPES, J.S.; SOUZA, P.R.S. Efeito da inclusão da covariância genética aditiva direta-materna no modelo de análise sobre a magnitude das estimativas de parâmetros genéticos preditos para ganho de peso na raça Brangus. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.37, n.3, p.809-814, 2007.

MACHADO, P.F.A.; AQUINO, L.H.; GONÇALVES, T.M. Estimativas de parâmetros genéticos e critérios de seleção em características ponderais de bovinos Nelore. **Ciência e Agrotecnologia**, v.23, n.1, p. 197-204, 1999.

MACHADO, C.H.M.; SOUZA, J.C.; SILVA, L.O.C.; FERRAZ FILHO, P.B. Correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente entre os pesos de várias idades em bovinos da raça Guzerá no Estado de São Paulo. **Archives of Veterinary Science**, v.7, n.1, p. 71-75, 2002.

MAGNABOSCO, C.U.; FARIA, C.U.; BORJAS, A.L.R.; LÔBO, R.B.; SAINZ, R.B. **Implementação da amostragem de Gibbs para a estimação de componentes de co-variância e parâmetros genéticos em dados de campo de bovinos Nelore.** Planaltina: Embrapa Cerrados, 2001. 50 p. (Documentos, Embrapa Cerrados, 37).

MALHADO, C.H.M.; LÔBO, R.N.B.; MARTINS FILHO, R.; FACÓ, O.; AZEVEDO, D.M.M.R. Efeito da incorporação da covariância entre os efeitos direto e materno sobre a análise para a característica dias para ganhar 160 Kg. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, n.41, p.14-19, 2004.

MARTINEZ, M.L.; VERNEQUE, R.S.; TEODORO, R.L.; PAULA, L.R.O.; CRUZ, M.; CAMPOS, J.P.; RODRIGUES, L.H.; OLIVEIRA, J.; VIEIRA, F.; BRUSCHI, J.H.; DURÃES, M.C. Correlações entre características da qualidade do sêmen e a circunferência escrotal de reprodutores da raça Gir. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.29, n.3, p.700-706, 2000.

MASCIOLI, A.S.; EL FARO, L.; ALENCAR, M.M.; FRIES, L.A.; BARBOSA, P.F. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos e análise de componentes principais para características de crescimento na raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.29, n.6, p. 1654-1660, 2000.

MAIWASHE, A.N.; BRADFIELD, M.J.; THERON, H.E.; VAN WYK, J.B. Genetic parameter estimates for body measurements and growth traits in South African Bonsmara Cattle. **Livestock Production Science**, v.75, p. 293-300, 2002.

MEYER, K. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. **Genet. Sel. Evol.**, v.23, p. 67-83, 1991.

MISZTAL, I. [2007]. **BLUPF90 family of programs.** Disponível em <<http://nce.ads.uga.edu/~ignancy/newprograms.html>>. Acesso em: 12/12/2007.

MUCARI, T.B.; OLIVEIRA, J.A. Análise genético-quantitativa de pesos aos 8, 12, 18 e 24 meses de idade em um rebanho da raça Guzerá. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.32, n.6, supl. 1, p. 1604-1613, 2003

PANETO, J.C.C.; LEMOS, D.C.; BEZERRA, L.A.F.; MARTINS FILHO, R.; LÔBO, R.B. Estudo de características quantitativas de crescimento dos 120 aos 550 dias de idade em gado Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.31, n.2, p.668-674, 2002.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p.545-554, 1971.

PEIXOTO, A.M. Fatores que interferem no crescimento do gado de corte ate a desmama. In: PEIXOTO, A.M.; MOURA, J.C.; FARIA, V.P. (Ed.). **Bovinocultura de corte: fundamentos da exploração racional**. 2ed. Piracicaba: FEALQ, 1993. P. 129-158.

PEÑA, C.D.O.; QUEIROZ, S.A.; FRIES, L.A.. Comparação entre critérios de seleção de precocidade sexual e a associação destes com características de crescimento em bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.30, n.1, p. 93-100, 2001.

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

SARMENTO, J.L.R.; PIMENTA FILHO, E.C.; RIBEIRO, M.N.; MARTINS FILHO, R. Efeitos ambientais e genéticos sobre o ganho em peso diário de bovinos Nelore no Estado da Paraíba. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.32, n.2, p.325-330, 2003.

SARREIRO, L.C.; BERGMANN, J.A.G.; QUIRINO, C.R.; PINEDA, N.R.; FERREIRA, V.C.P.; SILVA, M.A. Herdabilidade e correlações genéticas entre perímetro escrotal, libido e características seminais de touros Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v.54, n.6, p.602-608, 2002.

SCHAEFFER, L.R. Sire and cow evaluation under multiple trait models. **Journal Dairy Science**, v.67, p. 1567-1580. 1983.

SESANA, R.C.; ALBUQUERQUE, L.G.; SILVA, J.A.II.V.; SESANA, J.C. Estimativas de herdabilidade e correlação genética do perímetro escrotal, medido em diferentes idades, em animais Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 44, Jaboticabal, 2007. **Resumos...** SBZ: Viçosa, 2007. [CD-ROM]

SILVA, I.S. **Componentes de (Co)Variância e parâmetros genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Guzerá usando diferentes estratégias de análise**. 2004. 106 f. Tese (Doutorado e, Agronomia, Área de concentração: Ciência Animal e Pastagem) – Escola Superior de Agricultura 'Luiz de Queiroz' – USP, Piracicaba, 2004.

SILVA, A.E.D.F.; UNANIAN, M.M.; CORDEIRO, C.M.T.; FREITAS, A.R. Relação da circunferência escrotal e parâmetros da qualidade do sêmen em touros da Raça Nelore, PO. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.31, n.3, p.1157-1165. 2002.

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

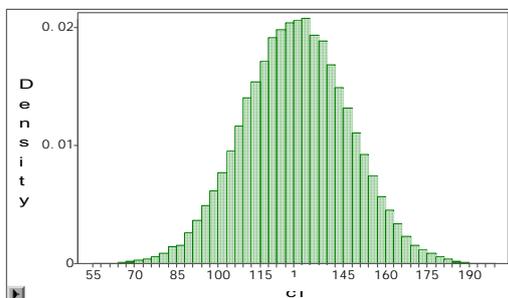
Van KAAM, J.B.C.H.M. **GIBANAL** – Analyzing program for Markov Chain Monte Carlo sequences. Version 2.4, Netherlands: 1997.

Van TASSEL, C.P.; Van VLECK, L.D. Multiple-trait Gibbs sampler for animal models; flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance components inference. **Journal Animal Science**, v.74, n.11, p.2586-2597, 1996.

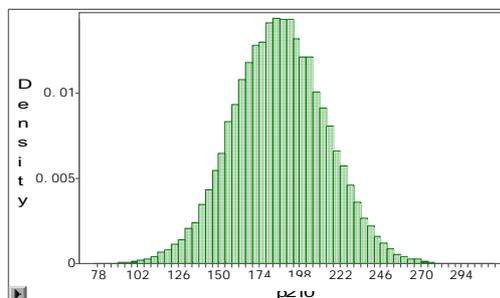
YOKOO, M.J.I.; ALBUQUERQUE, L.G.; LÔBO, R.B.; SAINZ, R.D.; CARNEIRO JUNIOR, J.M.; BEZERRA, L.A.F.; ARAUJO, F.R.C. Estimativas de parâmetros genéticos para altura do posterior, peso e circunferência escrotal em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.36, n.6, p.1761-1768, 2008.

APÉNDICE

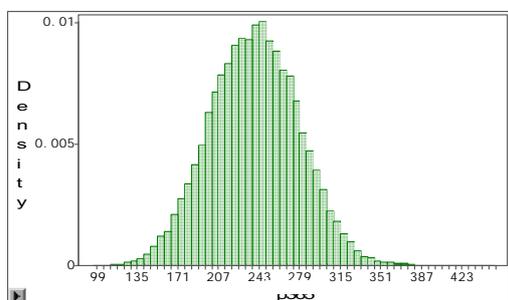
APÊNDICE A – Distribuição dos valores para características de peso e perímetro escrotal a idades padrão



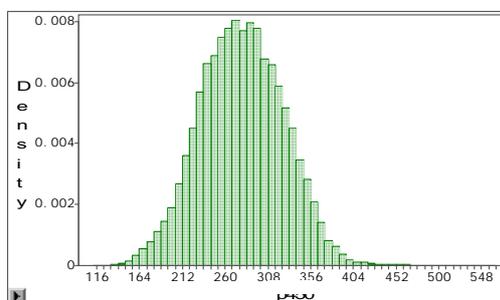
P120



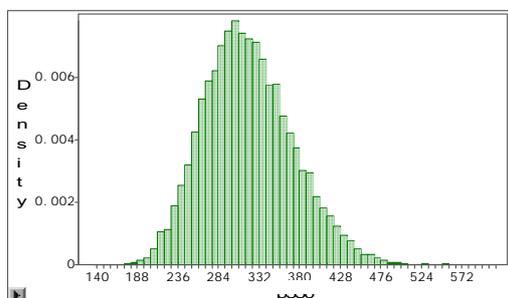
P210



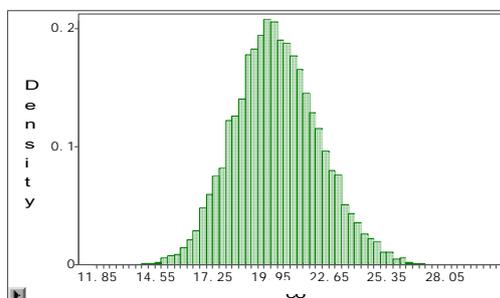
P365



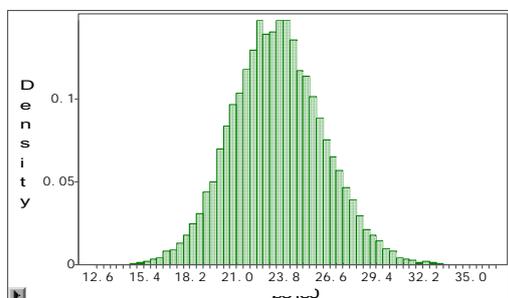
P450



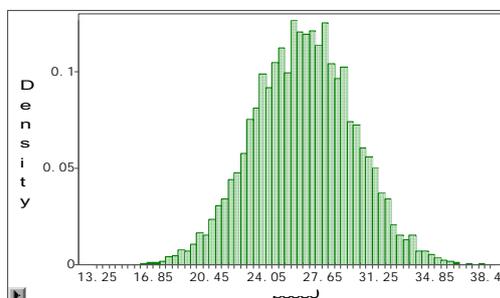
P550



PE365

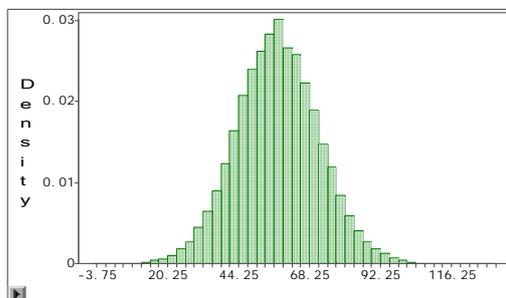


PE450

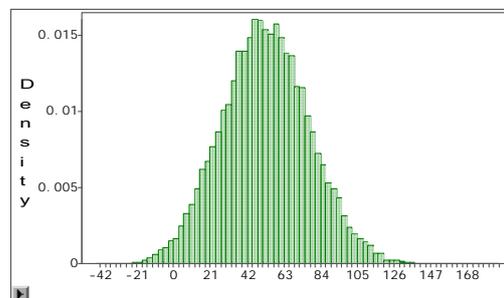


PE550

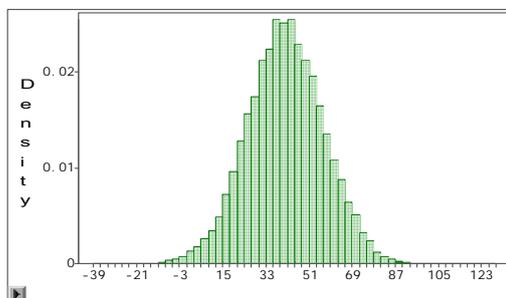
APÊNDICE B – Distribuição de valores de características de ganho de peso e crescimento de perímetro escrotal.



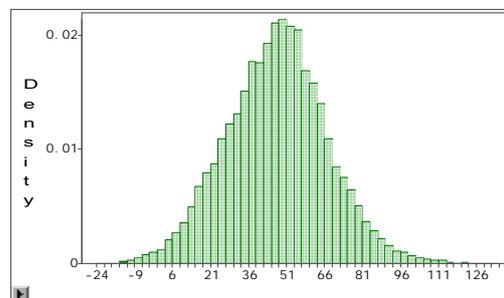
GP1



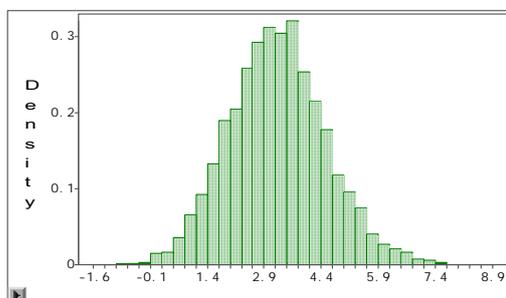
GP2



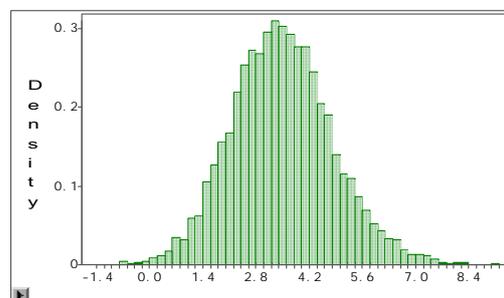
GP3



GP4



CP1



CP2