

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
Programa de Pós-Graduação em Zootecnia



Dissertação

Parâmetros e tendências genéticas para características de desempenho e de escores visuais das raças Hereford e Braford

Bruno Borges Machado Teixeira

Pelotas, 2013

Bruno Borges Machado Teixeira

Parâmetros e tendências genéticas para características de desempenho e de escores visuais das raças Hereford e Braford

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Ciências (área do conhecimento: Melhoramento animal).

Orientador: Dr. Fernando Flores Cardoso

Co-Orientador (es): Dra. Isabella Dias Barbosa da Silveira
Dr. Nelson José Laurino Dionello
Dr. Willian Silva Barros

Pelotas/RS, 2013

Banca examinadora:

Fernando Flores Cardoso

Médico Veterinário, PhD Pesquisador Embrapa Pecuária Sul

Arione Augusti Boligon

Zootecnista, DSc Professora UFPel.

Marcos Jun – Iti Yokoo

Zootecnista, PhD Pesquisador Embrapa Pecuária Sul

Maurício Morgado de Oliveira

Zootecnista, DSc Professor UFSM

*"A pedra pesada faz grande sombra...
...mas a sombra não pesa nada!"*
Conselhos do Fandango
(Érico Veríssimo)

*“Dedico esta conquista a
Memória de
Ângelo Dias Borges e
Agenor Vasconcelos Teixeira,
Meus avôs!!!!”*

AGRADECIMENTOS

Acredito que existe uma força espiritual superior, várias religiões dão nomes diferentes para ela, a qual chamamos de Deus. Agradeço a este arquiteto do universo pela oportunidade da Vida.

Agradeço aos meus pais, Jorge e Mara, pelo seu amor, pela minha educação, pelos esforços que sempre fizeram para que eu pudesse seguir o caminho que por eles me foi mostrado. MAIS UMA TROPA ENTREGUE!!

Minha noiva Franciane, amiga e amante, mil gracias pela compreensão dos momentos de ausência, a estrada vale a pena por que tu caminha ao meu lado, pra ti ofereço essa conquista. SÓ NÓS SABEMOS...

Aos meu familiares, agradeço, por serem importantes, por serem parte de mim, necessária ponte de ligação entre o que sou e de onde venho. PARA OS MEUS!!

Para os meus amigos, os de verdade, os que me fazem sentir saudade, das guitarreadas e pulperias, prosas e mates, assados e madrugadas, conselhos e sinceridade, alimento pra alma e para o coração. GRACIAS...

Agradeço ao meu orientador Fernando Flores Cardoso, primeiramente pela amizade, pelo exemplo, confiança a mim dedicada, por tornar possível trilhar este caminho, sinto orgulho de ser teu aluno. VALEU CHEFE!!

Aos meus colegas da equipe do Labegen (Laboratório de Bioinformática e Estatística Genômica), meus amigos de todos os dias na labuta, cada um de vocês é uma parte importante desse trabalho, gracias gurizada. #LABEGEN

Ao Programa de Pós Graduação em Zootecnia da Universidade Federal de Pelotas, pelo aprendizado, agradeço aos professores e colegas.

A Embrapa Pecuária Sul pela disponibilização da estrutura física para o desenvolvimento deste trabalho.

Agradeço a CAPES pela concessão da bolsa de estudos.

Agradeço ao apoio da Associação Brasileira de Hereford e Braford – ABHB, e a confiança a mim depositada.

A todos que de alguma forma me ajudaram a completar esta empreitada, meu sincero muito obrigado!

Resumo

TEIXEIRA, Bruno Borges Machado. **Parâmetros e tendências genéticas para características de desempenho e de escores visuais das raças Hereford e Braford.** 2013. (88 f.) Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós Graduação em Zootecnia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas.

O presente estudo foi desenvolvido com os objetivos de estimar componentes de (co) variâncias e parâmetros genéticos dos rebanhos Hereford e Braford participantes do programa de avaliação genética PampaPlus, através de métodos de Inferência Bayesiana (IB); analisar o progresso genético das características através das tendências genéticas e predizer ganhos genéticos esperados por geração (ΔG) de acordo com os componentes de variância da população. Foram utilizadas as informações referentes a 87.933 animais considerando as seguintes características objetivas e de escores visuais: peso ao nascer (PN), peso à desmama ajustado aos 205 dias (PD205), peso ao sobreano ajustado aos 550 dias (PS550), ganho pós desmama ajustado aos 345 dias (GPD345), peso da vaca à desmama (PWD), perímetro escrotal ao sobreano (PES), musculatura ao desmame (MUSD) e ao sobreano (MUSS), estatura ao desmame (ESTD) e ao sobreano (ESTS), estrutura corporal ao desmame (ECD) e ao sobreano (ECS), tamanho de umbigo a desmama (TUD) e ao sobreano (TUS), e condição corporal da vaca ao desmame (CCVD). As inferências foram baseadas em métodos Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC), através da Amostragem de Gibbs de 440.000 ciclos, após o descarte dos primeiros 40.000 ciclos (*burn-in*) as amostras foram sendo salvas a cada 40 ciclos totalizando 10.000. Foram realizadas análises bi características, utilizando o modelo animal completo, que incluiu efeitos fixos de grupos de contemporâneas, classes para idade da vaca e coeficientes lineares e quadráticos da idade do animal na data da avaliação; e efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos e maternos e de ambiente permanente materno. Os valores médios *a posteriori* com seus respectivos desvios padrão *a posteriori* para a herdabilidade (h^2) das características objetivas até o sobreano (PN, PD205, PS550 e GPD345) foram de baixa magnitude com ($0,14 \pm 0,02$; $0,13 \pm 0,02$; $0,13 \pm 0,02$; $0,12 \pm 0,03$, respectivamente). Por outro lado, para PWD e PES foram estimados maiores valores de h^2 ($0,26 \pm 0,08$ e $0,18 \pm 0,02$, respectivamente). Para os escores visuais as h^2 estimadas foram: $0,07 \pm 0,01$ (MUSD); $0,18 \pm 0,04$ (MUSS); $0,10 \pm 0,02$ (ESTD); $0,11 \pm 0,02$ (ESTS); $0,04 \pm 0,01$ (ECD); $0,14 \pm 0,03$ (ECS); $0,08 \pm 0,01$ (TUD); $0,11 \pm 0,02$ (TUS); $0,09 \pm 0,02$ (CCVD). Em geral os valores das h^2 podem ser considerados de moderados a baixos em relação a outros estudos, porém os valores para variâncias genéticas aditivas diretas foram de acordo com a maior parte dos trabalhos revisados. Por outro lado, os valores de variância ambiental foram superiores aos encontrados na literatura, demonstrado que um maior controle dos efeitos ambientais tendem a elevar os valores de h^2 . Correlações genéticas (r_G) positivas foram estimadas entre as características de peso, e as r_G entre as medidas de escores visuais na desmame e sobreano foram positivas e de alta magnitude. As tendências genéticas foram calculadas por regressão linear utilizando o valor genético predito por IB para cada característica em função do ano de nascimento, apresentaram valores positivos e ganhos satisfatórios para as características de interesse. O índice de qualificação genética (IQG) está apresentando um progresso anual de 10% e as características de PD205 e PS550 evidenciam um aumento de 243 e 398 gramas, respectivamente. Considerando um rebanho de 504 matrizes, com uma taxa de reposição anual de 20%, relação de 1 touro para 28 vacas e taxa de desmame de 78,1%, desmamando anualmente 197 machos e 197 fêmeas, obteve-se ΔG s de 5,812; 7,717 e 5,970 kg para PD205, PS550 e GPD345, respectivamente. Para o PES, o ΔG evidencia a possibilidade de aumentar 1,01 cm por geração, caso ocorra seleção direta somente para esta característica. Os resultados demonstram que existe variabilidade genética para ser usada na seleção das características avaliadas, propiciando que resultados satisfatórios de progresso

genético podem ser alcançados ao utilizar os valores gerados pelo PampaPlus como critérios para seleção nas raças Hereford e Braford.

Palavras chave: Amostragem de Gibbs, avaliação genética, correlação genética, herdabilidade, inferência bayesiana, melhoramento animal.

Abstract

TEIXEIRA, Bruno Borges Machado. **Parameters and genetic tendency for performance traits and visual scores of Hereford and Braford.** 2013. (88 f.) Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós Graduação em Zootecnia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas.

This study aimed to estimate (co)variances and genetic parameters of Hereford and Braford herds participating in the PampaPlus genetic evaluation program, using the Bayesian inference (BI) methodology; to analyze trait genetic progress through genetic trends and predict expected genetic gain per generation (ΔG). Records of 87,933 animals were used to evaluate objective traits and visual scores: birth weight (BW), weaning weight adjusted to 205 days (WW205), yearling weight adjusted to 550 days (YW550), post weaning gain adjusted to 345 days (PWG345), cow weight at weaning (CWW), scrotal circumference at yearling (SCY), muscling at weaning (MUSW) and yearling (MUSY), frame at weaning (FRW) and yearling (FRY), body structure at weaning (BSW) and yearling (BSY), navel size at weaning (NSW) and yearling (NSY), and cow body condition score at weaning (BCCW). Bayesian inference was based on Markov Chain Monte Carlo methods (MCMC) with 440,000 cycles, after 40,000 burn-in cycles, and the samples were stored every 40 cycles, resulting 10,000 samples. Animal model was used, including contemporary group, classes for age of cow and linear and quadratic coefficients of animal age at evaluation time as fixed effects, and random direct additive genetic effects, maternal and maternal permanent environment. The posterior mean heritability (h^2) estimates and their respective standard deviations of the yearling objective traits (BW, WW205, YW550 and PWG345) resulted in low magnitude, (0.14 ± 0.02 ; 0.13 ± 0.02 ; 0.13 ± 0.02 ; 0.12 ± 0.03 , respectively), for CWW and SCY traits h^2 were (0.26 ± 0.08 and 0.18 ± 0.02 , respectively). For visual scores (MUSW, MUSY, FRW, FRY, BSW, BSY, NSW, NSY and BCCW) h^2 estimates were 0.07 ± 0.01 ; 0.18 ± 0.04 ; 0.10 ± 0.02 ; 0.11 ± 0.02 ; 0.04 ± 0.01 ; 0.14 ± 0.03 ; 0.08 ± 0.01 ; 0.11 ± 0.02 ; 0.09 ± 0.02 , respectively. Overall, heritability values were of moderate to low magnitude and below compared to other studies. Nevertheless, additive genetic variances were in accordance with most part of the literature reviewed, while environmental variances were higher than those found in the literature demonstrated that greater control over the environmental factors could increase values of h^2 . Positive genetic correlations (r_G) were estimated between weight traits, and r_G between visual scores at weaning and yearling were positive and of high magnitude. Genetic trends calculated by linear regression using the average breeding values (BV) for each trait according to the year of birth, showed positive values indicating reasonable gains for traits of interest. The genetic qualifying index (GQI) presented a 10% of annual progress, and WW205 YW550 traits presented an increase of 243 and 398 grams/year, respectively. Considering a herd of 504 dams, with a yearly replacement rate of 20%, with 1 bull for each 28 cows and weaning rate of 78.1% (annually weaning 197 males and 197 females), expected ΔG s were 5.81, 7.72 and 5.97 kg for WW205, YW550, PWG345, respectively, per generation. However, for SCY trait, the ΔG indicates the possibility of increasing 1.01 cm per generation in direct selection for only this trait. The results demonstrated the existence of genetic variability for the studied traits, allow their successful use in animal breeding programs. Satisfactory results of genetic progress should be achieved by using the breeding values generated by PampaPlus as selection criteria in Hereford and Braford.

Keywords: Bayesian Inference, beef cattle improvement, genetic correlation, genetic evaluation, Gibbs sampling, heritability.

Lista de Figuras

Figura 2.1 –	Mensuração de perímetro escrotal ao sobreano (PES).....	32
Figura 2.2 –	Locais no corpo do animal indicadores de boa musculatura.....	34
Figura 2.3 –	Notas para musculatura (MUS).....	34
Figura 2.4 –	Notas para estatura (EST).....	36
Figura 2.5 –	Pontos de expressão da estrutura corporal.....	37
Figura 2.6 –	Notas para estrutura corporal (EC).....	37
Figura 2.7 –	Notas para tamanho do umbigo (TU).....	38
Figura 2.8 –	Notas para condição corporal da vaca ao desmame (CCVD).....	38
Figura 2.9 –	Escores 2, 3 e 4 de condição corporal (Fonte: Moraes et al., 2005).....	39
Figura 4.1 –	Gráfico de traço exemplificando a análise de convergência.....	61
Figura 4.2 –	Tendência Genética para o Índice de Qualificação Genética (IQG).....	71
Figura 4.3 –	Tendência Genética para o peso ao nascer (PN).....	71
Figura 4.4 –	Tendência Genética para o peso ajustado aos 205 dias de idade (PD205)....	71
Figura 4.5 –	Tendência Genética para o peso a desmama efeito materno (PDm).....	71

Figura 4.6 –	Tendência Genética para o total materno ao desmame (TMD).....	72
Figura 4.7 –	Tendência Genética para o peso ao sobreano ajustado aos 550 dias de idade (PS550).....	72
Figura 4.8 –	Tendência Genética para o ganho pós desmame ajustado para 345 dias (GPD345).....	72
Figura 4.9 –	Tendência Genética para o perímetro escrotal ao sobreano (PES).....	72
Figura 4.10 –	Tendência Genética para o peso da vaca ao desmame (PWD).....	73
Figura 4.11 –	Tendência Genética para a condição corporal da vaca ao desmame (CCVD).....	73
Figura 4.12 –	Tendência Genética para musculatura (MUS).....	73
Figura 4.13 –	Tendência Genética para estatura (EST).....	73
Figura 4.14 –	Tendência Genética para Estrutura Corporal (ECS).....	74
Figura 4.15 –	Tendência Genética para tamanho de umbigo (TUS).....	74

Lista de Tabelas

Tabela 2.1 –	Representação esquemática do funcionamento da correlação genética (r_G) entre dois caracteres (x, y).....	23
Tabela 3.1 –	Classificação dos animais quanto a raça, sexo e grau de sangue (GS).....	46
Tabela 3.2 –	Classificação dos animais quanto a categoria que estão inclusos no banco de dados do PampaPlus.....	47
Tabela 3.3 –	Estatísticas descritivas das características objetivas de peso ao nascer (PN), peso ao desmame (PD), peso ao desmame ajustado aos 205 dias de idade (PD205), peso ao sobreano (PS), peso ao sobreano ajustado aos 550 dias de idade (PS550), ganho pós desmame ajustado para 345 dias (GPD345), peso da vaca na desmama (PWD), perímetro escrotal ao sobreano (PES), das raças Hereford e Braford classificadas por sexo.....	49
Tabela 3.4 –	Estatísticas descritivas das características de escores visuais de musculatura ao desmame (MUSD), estatura ao desmame (ESTD), estrutura corporal ao desmame (ECD), tamanho de umbigo ao desmame (TUD), musculatura ao sobreano (MUSS), estatura ao sobreano (ESTS), estrutura corporal ao sobreano (ECS), tamanho de umbigo ao sobreano (TUS) e condição corporal da vaca ao desmame (CCVD), das raças Hereford e Braford.....	50

Tabela 4.1 –	Médias <i>a posteriori</i> (MDP), desvio-padrão <i>a posteriori</i> (DPP), modas <i>a posteriori</i> (MOP), intervalo de 95% de probabilidade <i>a posteriori</i> (95% IPP), para os componentes de (co) variância e herdabilidades direta (h^2) e materna (h^2_m) das características objetivas das raças Hereford e Braford estimados via inferência bayesiana.....	64
Tabela 4.2 –	Médias <i>a posteriori</i> (MDP), desvio-padrão <i>a posteriori</i> (DPP), modas <i>a posteriori</i> (MOP), intervalo de 95% de probabilidade <i>a posteriori</i> (95% IPP), para correlações genéticas (r_G) entre as variâncias genéticas aditivas diretas, e variância genéticas aditivas diretas × maternas das características objetivas das raças Hereford e Braford estimados via inferência bayesiana.....	66
Tabela 4.3 –	Médias <i>a posteriori</i> (MDP), desvio-padrão <i>a posteriori</i> (DPP), modas <i>a posteriori</i> (MOP), intervalo de 95% de probabilidade <i>a posteriori</i> (95% IPP), para os componentes de (co) variância e herdabilidades (h^2) das características de escores visuais das raças Hereford e Braford estimados via inferência bayesiana.....	69
Tabela 4.4 –	Médias <i>a posteriori</i> (MDP), desvio-padrão <i>a posteriori</i> (DPP), modas <i>a posteriori</i> (MOP), intervalo de 95% de probabilidade <i>a posteriori</i> (95% IPP), para correlações genéticas (r_G) entre as variâncias genéticas aditivas diretas das características de escores visuais das raças Hereford e Braford estimados via inferência bayesiana.....	70
Tabela 4.5 –	Ganhos genéticos esperados utilizando os componentes de (co) variância estimados via inferência bayesiana para as características objetivas de peso ao nascer (PN), peso ao desmame (PD), peso ao desmame ajustado aos 205 dias de idade (PD205), peso ao sobreano (PS), peso ao sobreano ajustado aos 550 dias de idade (PS550), ganho pós desmame ajustado para 345 dias (GPD345), peso da vaca na desmama (PWD), perímetro escrotal ao sobreano (PES), das raças Hereford e Braford.....	74

Tabela 4.6 – Ganhos genéticos esperados utilizando os componentes de (co) variância estimados via inferência bayesiana para os escores visuais de musculatura ao desmame (MUSD), estatura ao desmame (ESTD), estrutura corporal ao desmame (ECD), tamanho de umbigo ao desmame (TUD), musculatura ao sobreano (MUSS), estatura ao sobreano (ESTS), estrutura corporal ao sobreano (ECS), tamanho de umbigo ao sobreano (TUS) e condição corporal da vaca ao desmame (CCVD), das raças Hereford e Braford.....	76
---	----

Sumário

1. Introdução	14
2. Revisão de Literatura.....	20
2.1. Componentes de (co) Variância e Parâmetros Genéticos.....	21
2.2. Metodologia dos Modelos Mistas.	24
2.3. O Programa PampaPlus.....	26
2.4. Coleta de dados.....	27
2.5. Grupos Contemporâneos (GC).	28
2.6. Medidas Objetivas.	29
2.7. Escores Visuais.....	33
2.7.1. Musculatura (MUS).	34
2.7.2. Estatura (EST)	35
2.7.3. Estrutura Corporal (EC).....	36
2.7.4. Tamanho do umbigo (TU).....	37
2.7.5. Escore de condição corporal da vaca ao desmame (CCVD).	38
2.8. Inferência Bayesiana (IB).....	39
3. Materiais e Métodos	46
3.1. Medidas Objetivas.	47
3.2. Escores Visuais.....	49
3.3. Consistência e validação de dados.....	50
3.4. Formação dos grupos contemporâneos (GC).	51
3.5. Estimativa dos componentes de (co) variância e dos parâmetros genéticos.....	52
3.6. Tendências Genéticas.	57
3.7. Ganhos Genéticos (ΔG).	59
4. Resultados e discussão.....	61
4.1. Componentes de (co) variância e parâmetros genéticos.....	62
4.2. Tendências Genéticas.	70
4.3. Ganhos Genéticos (ΔG).	74
5. Conclusões	77
6. Referências Bibliográficas	78

1. Introdução

Durante o período Neolítico na pré-história, o homem começa a modificar seu comportamento de nômade que caça e coleta, passando a se estabelecer em aldeias, aprendendo a cultivar a terra e a domesticar os animais, onde aparece a figura essencial do bovino para atender às suas necessidades de tração, couro, leite e carne.

O aumento da oferta de alimento possibilita o aumento da população, apesar de precário, na forma de escambo, nasce o comércio, surgem as primeiras cidades, e a bovinocultura é um dos fatores que permite a evolução da humanidade. O termo pecuária vem do latim, *Pecúnia* é moeda, dinheiro e *Pecus* significa “cabeça de gado”, ou seja, a arte de criar gado.

Em 1532, chega ao Brasil o português Martin Afonso de Souza, que funda a vila de São Vicente, a 1º vila portuguesa na América, hoje região metropolitana da baixada Santista em São Paulo, um marco na história brasileira, e onde, em 1534, por iniciativa de sua esposa Ana Pimentel de Souza, chegam ao solo brasileiro os primeiros exemplares da espécie bovina provenientes do arquipélago de Cabo Verde. (BARBOSA, 1978).

Segundo Barbosa (1978), uma das teorias mais aceitas é que a introdução do gado no Rio Grande do Sul, foi iniciada pelos jesuítas em 1629, da margem direita para a esquerda do rio Uruguai, sendo o ponto inicial de um rebanho imenso que se propagaria aos terrenos baixos do rio Uruguai, que seria conhecido como "Vacarias do Mar", e ao planalto e serra a "Vacaria dos Pinhais".

Em solo do bioma Pampa, os bovinos encontram o habitat ideal para seu desenvolvimento, de maneira que junto aos equinos, foram os principais componentes na formação sócio cultural do povo gaúcho, primeiramente com o comércio de couro, sucessivamente o ciclo do charque, a formação das estâncias, e hoje em dia a produção de carne se mantém como um dos principais setores da produção primária no Rio Grande do Sul (FLORES, 1996).

Robert Bakewell, um fazendeiro inglês que viveu de 1725 a 1795, foi quem estabeleceu os padrões modernos do melhoramento animal (LUSH, 1945). Direcionando seu trabalho em bovinos para o aprimoramento do English Longhorn, onde seus princípios incluíam aspectos técnicos, tais como: "*A consanguinidade produz prepotência e refinamento; e acasalar o melhor com o melhor*". Arrendando machos, ao invés de vendê-

los, identificava os que produziam as melhores progêneres para retornar ao seu plantel como reprodutores, possuindo uma meta bem definida, obter animais precoces quanto à produção de carne (ENSMINGER, 1976).

Ao final do século XVIII, na Inglaterra, começam as utilizações de “pedigrees”, nascem as associações de raças (LUSH, 1945), surgindo em 1822, o primeiro “Herdbook”, livro de registro genealógico, da raça Shorthorn. No ano de 1846 é criado o Hereford Herdbook, seguido pelo Polled Herd Book da raça Aberdeen Angus fundado em 1862.

O naturalista britânico Charles Darwin apresenta a Teoria da Evolução em 1859, e em 1866, Gregor Mendel, trabalhando com ervilheiras, demonstra pela primeira vez padrões de hereditariedade para determinados caracteres, provando que a aplicação da estatística na genética seria de grande utilidade. Começa então o desenvolvimento da genética quantitativa, Fischer (1918), decompõe a variância genética, Wright (1921) começa estudos sobre endogamia e sistemas de acasalamento. Em 1943 Hazel apresenta a utilização de índices de seleção, e Lush (1945) em seu livro “Animal Breeding Plans” traduz a teoria para prática incentivando o uso de métodos científicos no melhoramento, essas evoluções nos estudos de genética quantitativa resultam em um dos maiores avanços do melhoramento quando Henderson (1949), apresenta a metodologia dos modelos mistos, na qual a avaliação genética atual se baseia.

No Brasil o Sr. Leonardo de Brasil de Collares, com o apoio da Associação Rural de Bagé, no ano de 1906 cria o serviço de registro genealógico de bovinos e equinos, hoje chamado de Herd Book Collares. No ano de 1951, o Dr. João Barrisson Villares, realiza a primeira prova de ganho de peso do Brasil, primeiramente realizada no Recinto de Exposições de Barretos – SP, e sendo transferida, no ano 1955, para a Estação Experimental de Zootecnia em Sertãozinho – SP. Em 1973 começam as provas zootécnicas da Associação Nacional de Criadores (ANC) através do CDP (Controle de Desenvolvimento Ponderal), e em 1974 surge o Promobo® (Programa de Melhoramento de Bovinos de Carne), sob a coordenação de Luis Alberto Fries. (ELIAS, 2006).

A demanda mundial por produção de recursos ultrapassa a busca única pelo aumento geométrico dos índices de produtividade, ocorrendo um entendimento geral da necessidade de aumentar a qualidade do processo produtivo. Extrapolando para a pecuária de corte, temos que, produzir uma carne com mais qualidade em maior quantidade, que remunere melhor as pessoas envolvidas em todo processo, com bem estar animal, sendo economicamente e ambientalmente sustentável.

Atualmente o Brasil detém o maior rebanho bovino comercial do mundo (USDA, 2013). A cada ano ocorre um aumento gradativo na utilização de raças britânicas, sendo para utilização em cruzamentos terminais e formação de sintéticos, bem como no aumento do rebanho puro, buscando agregar principalmente precocidade de terminação e qualidade de carne, na busca de mercados mais exigentes (ASBIA, 2011).

Existem duas maneiras de se melhorar a produção animal, através de mudanças no meio ambiente, como manejo, nutrição e sanidade, e através do melhoramento genético, que apesar de causar menos impacto à primeira vista, tende a ser permanente e acumulativo através de geração a geração (CARDELLINO & ROVIRA, 1987). Segundo Cardoso (2007), de nada adianta ter-se animais de composição genética superior se as condições ambientais forem desfavoráveis, sendo assim, da mesma forma o contrário procede, de nada serviria uma ótima alimentação em animais geneticamente inferiores.

Programas de melhoramento animal foram introduzidos na pecuária para identificar animais mais produtivos e “competitivos”, ou seja, que atendam as diversas exigências do mercado consumidor, auxiliando o processo de seleção ou direcionando cruzamentos. A utilização destes métodos resulta em melhor desempenho nas características de importância econômica (ROSO & FRIES, 2000).

Para Schenkel (1994), selecionar os melhores animais para reprodução só é possível identificando quais têm o genótipo superior, dependendo extremamente de uma avaliação genética precisa dos animais. Há duas razões para que um animal seja superior aos seus contemporâneos, a primeira é que seus alelos herdados são superiores e estão em combinações mais favoráveis, a segunda é que este animal tenha recebido um ambiente melhor (tratamento preferencial) que seus ditos contemporâneos (COSTA et al., 2008). Desta forma, as previsões de diferenças esperadas na progênie (DEPs) das características de interesse econômico visam identificar quais animais vão transmitir alelos favoráveis a sua prole (CARDOSO & LOPA, 2013).

O programa de avaliação genética PampaPlus®, foi criado, no ano de 2008, na intenção de direcionar o melhoramento genético das raças Hereford e Braford, apresentando uma ferramenta de seleção acessível ao produtor (CARDOSO & LOPA, 2013), gerando previsões de DEPs das características de crescimento, escores visuais e reprodutivas, tendo sua metodologia baseada na utilização da melhor previsão linear não viesada (BLUP), seguindo a teoria dos modelos mistos descrita por Henderson (1984).

A precisão com a qual se estima o mérito genético é proporcional a resposta a seleção (FALCONER & MACKAY, 1996) e dependente da predição fidedigna das médias específicas por composição racial, das covariâncias genéticas entre parentes puros e/ou cruzados e dos desvios dos animais em relação a estas médias (FERNANDO, 1999). Sendo assim, o mérito genético estimado para um animal é composto pela média de seu grupo de composição racial mais seu desvio individual específico em relação ao grupo (OLIVEIRA et al., 2011)

Segundo Cardoso et al. (2008), através de modelos hierárquicos Bayesianos os melhoristas têm uma ferramenta poderosa para descrever a complexidade biológica e ambiental envolvida no desempenho de bovinos de corte, contemplando modelos mais realistas para a variabilidade genética aditiva e as correlações entre parentes, aumentando a precisão das estimativas e melhorando a resposta a seleção.

Hipótese

A população de bovinos Hereford e Braford do Programa PampaPlus apresenta componentes de (co) variância e parâmetros genéticos próprios, diferentes dos valores médios da literatura utilizados atualmente nas avaliações genéticas desse programa.

Os ganhos genéticos obtidos nos rebanhos do PampaPlus estão abaixo do potencial teórico estimado com base nos parâmetros genéticos dessa população.

Objetivos

O presente estudo foi desenvolvido com o objetivo de estimar parâmetros e tendências genéticas das raças Hereford e Braford em suporte ao programa PampaPlus, de acordo com os seguintes objetivos específicos:

- 1) Estimar os componentes de (co) variância e parâmetros genéticos das características avaliadas no PampaPlus utilizando o enfoque bayesiano;
- 2) Avaliar o ganho genético esperado através da utilização dos parâmetros genéticos estimados;
- 3) Analisar o progresso genético de características avaliadas no programa PampaPlus através das tendências genéticas observadas;
- 4) Gerar informações científicas para serem usadas junto ao programa PampaPlus, no intuito de melhor atender aos criadores participantes.

2. Revisão de literatura

A variação biológica é a matéria prima no trabalho do melhorista. Se não houvesse variação entre os animais ou se essa variação fosse exclusivamente devida ao efeito do ambiente não se poderia fazer o melhoramento genético (FISCHER, 1918; HENDERSON, 1949; CARDELLINO & ROVIRA, 1987).

O objetivo principal do melhoramento animal é causar ganho genético, aumentando a frequência dos genes favoráveis às características de interesse econômico nos rebanhos (CARDELLINO & ROVIRA, 1987). Porém a dificuldade está em identificar o quanto da variabilidade no desempenho dos animais é reflexo de seu mérito genético (HENDERSON, 1984; GIANOLA & FERNANDO, 1986).

Falconer e Mackay (1996), apresentam que desempenho produtivo do animal, seu fenótipo (P), em todos os aspectos, depende de basicamente dois fatores, o ambiente (E) e o genótipo (G), e ainda há um terceiro que nada mais é do que a interação entre estes dois ($G*E$), desta forma:

$$P = G + E + G*E$$

Para a pecuária de corte, o melhoramento genético se torna um instrumento de grande importância, onde o produtor pode agregar melhorias em produtividade de seu rebanho sem gastos excessivos (CARDOSO, 2007).

O uso de registros de seleção, associado a medidas de desempenho animal nas características que agregam valor econômico, mediante o controle dos dados de produção, tende a aumentar a taxa de melhoramento genético dos rebanhos e, portanto das raças, sendo assim, a evolução da população total do gado (FRIES, 1972).

Falconer e Mackay (1996), expõe que conhecer as herdabilidades e correlações genéticas referentes aos critérios de seleção são de fundamental importância ao determinar o método de seleção e na predição do ganho genético para a população de interesse, porém são variáveis em populações mantidas em ambientes diversos, pois esses parâmetros genéticos dependem da frequência gênica e da variabilidade ambiental (KOOTS et al., 1994 a, b).

2.1. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos

Segundo Cardellino e Rovira (1987), a seleção torna-se possível por que existe variação entre os indivíduos, sem diferenças entre os animais não haveria necessidade de escolher ou refugar animais para o processo reprodutivo, pois todos teriam o mesmo desempenho.

Utilizando o peso ajustado aos 205 dias em bovinos de corte como exemplo, vê-se que em uma população os animais apresentarão distintos pesos (diferentes valores fenotípicos), ou seja, existe variação nos pesos dos animais que é expressa pela variância fenotípica (σ_p^2). Da mesma forma, estes animais terão diferentes genótipos (composição genética) que é expressa pela variância genética (σ_G^2). O efeito que o ambiente exerce também será, em certos casos, distinto para os diferentes animais, expresso pela variância ambiental (σ_E^2) (CARDELLINO & ROVIRA, 1987). Portanto, a variância fenotípica existente entre os animais de um rebanho pode ser descrita pela fórmula,

$$\sigma_P^2 = \sigma_G^2 + \sigma_E^2,$$

em que,

σ_P^2 é a variância fenotípica, medida da variação dos valores fenotípicos de um grupo de indivíduos, causada pelas diferenças entre os fenótipos desses indivíduos. É a partir desta variância que pode-se fazer melhoramento. Para isso, é importante que se tenha nas fazendas todas as informações dos animais do rebanho, incluindo os registros das produções desses animais;

σ_G^2 é a variância genética, medida da variação dos valores genotípicos de um grupo de indivíduos, causada pelas diferenças entre os genótipos desses indivíduos;

σ_E^2 é a variância ambiental, medida da variação causada pelo efeito do ambiente tais como os desvios provocados por diferenças climáticas, nutricionais, de manejo, sanidade, erros na medição e outros, além das causas desconhecidas. (CARDELLINO & ROVIRA, 1987; VAN VLECK, 1999).

Decompondo a variância genotípica tem-se que,

$$\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2,$$

em que,

σ_A^2 corresponde a variância genética ou aditiva a qual representa a contribuição dos pares de genes controlados por ausência de dominância no genótipo;

σ_D^2 corresponde a variância de dominância que representa os pares de genes do genótipo controlados pelas ações gênicas com algum grau de dominância (dominância completa, dominância parcial e sobredominância) e

σ_I^2 corresponde a variância epistática que corresponde a supostas interações entre os genes dos diferentes pares.

Substituindo portanto a σ_G^2 na fórmula inicial da σ_P^2 tem-se que,

$$\sigma_P^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2 + \sigma_E^2.$$

Os parâmetros genéticos são definidos pelos os componentes de (co) variância nas diversas populações, ou seja, são específicos para cada população, são eles: herdabilidade e repetibilidade que referem-se a um determinado caractere quantitativo, e as correlações genéticas que referem-se a dois caracteres quantitativos simultaneamente. (VAN VLECK, 1999; BIF, 2010).

A herdabilidade (h^2) é o parâmetro de maior importância, pois determina a estratégia a ser usada no melhoramento da característica em questão. Seu conceito foi apresentado pela primeira vez no livro “*Animal breeding plans*” de Lush (1945). Se o valor de h^2 for diferente de zero pode-se concluir que na população de estudo e no ambiente onde esta se desenvolve, as diferenças genéticas influenciam as variações fenotípicas e, assim, são importantes para a característica, demonstrando que existe a possibilidade de seleção. (CARDELLINO & ROVIRA, 1987).

A h^2 é a fração da variância fenotípica que tem origem genética aditiva e varia de 0 a 1,

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2} = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2 + \sigma_E^2}$$

Segundo Van Vleck (1999), os efeitos referentes aos tipos de dominância e epistasia são muito difíceis de mensurar, além de não serem transmitidos para a próxima geração, pois dependem da recombinação entre os genes, sendo os efeitos genéticos aditivos responsáveis pela herança genética transmitida para a progênie. De acordo com Cardellino e Rovira (1987), pode-se juntar em um termo todas as variações que não são genéticas aditivas,

$\sigma_E^2 = \sigma_D^2 + \sigma_I^2 + \sigma_E^{2^*}$, onde $\sigma_E^{2^*}$ seria o efeito ambiental propriamente dito, resultando em,

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_A^2 + \sigma_E^2},$$

em que,

h^2 é a herdabilidade direta;
 σ_A^2 corresponde a variância genética aditiva;
 σ_E^2 é a variância do erro, associando os efeitos de ambiente juntamente aos efeitos que não são genéticos aditivos.

A correlação genética (r_G) é outro parâmetro de extrema importância, varia de -1 a 1 e indica o grau de associação genética entre dois caracteres. (FALCONER & MACKAY, 1996). Ao selecionar por uma característica, quando a r_G é positiva, aumenta-se também o desempenho em outra; entretanto, quando for negativa, ao melhorar o desempenho na característica selecionada, diminui-se o desempenho na característica correlacionada, (Tabela 2.1). Para planejar um programa de seleção deve-se conhecer as associações genéticas entre as características consideradas, para avaliar as consequências do processo como um todo (CARDOSO, 2009).

Segundo Cardellino e Rovira (1987), a correlação genética entre dois caracteres (x e y) é dada pela seguinte equação,

$$r_{G_{xy}} = \frac{S_{a_{xy}}}{\sqrt{S_{a_x}^2 + S_{a_y}^2}},$$

em que,

$r_{G_{xy}}$ é a correlação genética entre os caracteres x e y;

$\sigma_{a_{xy}}$ é a covariância genética aditiva existente entre x e y;

$\sigma_{a_x}^2$, $\sigma_{a_y}^2$ são as variâncias genéticas aditivas de x e y, respectivamente (FALCONER & MACKAY, 1996; VAN VLECK, 1999).

Tabela 2.1 – Representação esquemática do funcionamento da correlação genética (r_G) entre dois caracteres (x, y).

Correlação (r_G)	Resposta Direta (x)	Resposta Indireta (y)
Positiva	aumenta y	aumenta y
Zero	aumenta y	não muda y
Negativa	aumenta y	diminui y

2.2. Metodologia dos Modelos Mistos

Foram apresentadas pela primeira vez por Henderson em 1949, numa reunião da “*American Dairy Science Association*”, as equações de modelos mistos, as quais tem por soluções o BLUP (*best linear unbiased prediction*), porém com a dificuldade computacional da época, somente na década de 1970 foram implementadas na avaliação genética norte-americana. Neste método são obtidas simultaneamente as estimativas dos efeitos fixos, que têm propriedades BLUE (*best linear unbiased estimator*) e dos efeitos aleatórios que têm propriedades BLUP, aliando a teoria dos índices de seleção à dos quadrados mínimos.

Segundo Henderson (1984), o modelo linear misto pode ser dado pela seguinte equação em notação matricial,

$$y = X\beta + Zu + e,$$

tendo as seguintes distribuições e estrutura de médias e variâncias,

$$u \sim N(0, G), \quad E(y) = X\beta,$$

$$e \sim N(0, R), \quad \text{e} \quad \text{Var}(y) = V = ZGZ' + R,$$

em que,

y é o vetor de observações;

β é o vetor de parâmetros dos efeitos fixos, com matriz de incidência X ;

u é o vetor paramétrico dos efeitos aleatórios, com matriz de incidência Z ;

G é a matriz de (co) variância dos efeitos aleatórios;

R é a matriz de (co) variância dos erros aleatórios;

0 é um vetor nulo.

Assumindo como conhecidos G e R , a simultânea estimação dos efeitos fixos e predição dos efeitos aleatórios pode ser obtida pelas equações de modelo misto dadas por,

$$\begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}.$$

As soluções deste sistema para $\hat{\beta}$ e \hat{u} conduz a resultados idênticos aos obtidos por,

$\hat{\beta} = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y$, que calcula o melhor estimador de quadrados mínimos generalizados (GLS) ou melhor estimador linear não viesado (BLUE) de β ;

$\hat{u} = GZ'V^{-1}(y - X\hat{\beta}) = CV^{-1}(y - X\hat{\beta})$, que calcula o melhor preditor linear não viesado (BLUP) de u ;

em que,

$C = GZ'$ = matriz de (co)variância entre y e u .

Quando G e R não são conhecidas, os componentes de (co)variância a eles associados podem ser estimados eficientemente empregando-se o procedimento de máxima verossimilhança restrita (REML) (PATTERSON & THOMPSON, 1971; SEARLE et al., 1992) ou por meio de métodos Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC) (SORENSEN & GIANOLA, 2002).

Este modelo misto utiliza as informações de parentesco e desempenho dos animais para calcular o seu valor genético, analisando conjuntamente o desempenho próprio, de seus pais e de todos os seus parentes no pedigree. Além disso, são considerados os efeitos ambientais, inclusive de manejo, aos quais estes animais foram submetidos e as características da população, através de seus parâmetros genéticos. (CARDOSO, 2009).

Atualmente a avaliação genética de bovinos de corte é baseada em equações de modelos mistos e, segundo diversos autores, por exemplo, Koch et al., (1995) Cardoso et al., (2001); Cabrera et. al., (2001); Muniz et al., (2005); Guterres et al., (2006); Toral et al., (2007), tem-se a possibilidade de, além da inclusão do efeito genético aditivo do animal, como do efeito materno aditivo, efeito de ambiente permanente materno e efeito de ambiente permanente do próprio animal, seguindo a seguinte estrutura no modelo animal,

$$E[y] = X\beta,$$

$$E \begin{bmatrix} a \\ m \\ mpe \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \text{Var} \begin{bmatrix} a \\ m \\ mpe \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 \\ A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{mpe}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix},$$

em que,

A é a matriz de parentesco;

I são matrizes identidades;

σ_a^2 é a variância genética aditiva direta;

σ_m^2 é a variância genética aditiva materna;

σ_{am} é a covariância genética entre efeitos aditivos direto e materno;

σ_{mpe}^2 é a variância de ambiente permanente materno;

σ_e^2 é a variância residual.

De maneira que a herdabilidade direta (h^2) pode ser calculada para as características de estudo utilizando a seguinte razão, (KOCH et al., 1995; CARDOSO et al., 2001; CABRERA et. al., 2001; MUNIZ et al., 2005; GUTERRES et al., 2006; TORAL et al., 2007),

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{am} + \sigma_{mpe}^2 + \sigma_e^2},$$

e a herdabilidade materna (h^2_m), consequentemente,

$$h^2_m = \frac{\sigma_m^2}{\sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{am} + \sigma_{mpe}^2 + \sigma_e^2}.$$

Conforme Cardoso et al. (2001) e Ferraz Filho et al. (2002), a não inclusão dos efeitos maternos no modelo animal tende a inflacionar as estimativas de variância genética aditiva para características a desmama. São importantes os efeitos das mães no crescimento dos animais, pois existe variação em relação a produção de leite, capacidade de defesa e busca por alimentos entre as mães. Conforme Silva et al. (2008), estes efeitos denominados maternos, são de origem tanto genética quanto ambiental, formando a manifestação fenotípica definida como habilidade materna.

2.3. O Programa PampaPlus

O PampaPlus é o programa de avaliação genética oficial da Associação Brasileira de Hereford e Braford (ABHB), realizado em parceria com a Embrapa e o Geneplus.

Através de medidas, pesagens e avaliações visuais, realizadas em duas fases da vida, ao desmame e no pós desmame, dos animais nascidos nas propriedades participantes do PampaPlus, juntamente com informações do pedigree, ascendentes e descendentes, são calculados índices para identificar reprodutores e matrizes com mérito genético superior, a serem usados pelos criadores.

Nas análises propriamente ditas utiliza-se a Metodologia de Modelos Mistos de Henderson et al. (1959), sendo adotado o modelo animal completo, em análises bicaracterísticas.

O software, utilizado para a obtenção das previsões de DEPs, foi desenvolvido e disponibilizado pelo professor Dr. Lawrence R. Schaeffer (University of Guelph-CA), considerando os efeitos diretos e maternos para as características analisadas.

É utilizado nas análises o modelo animal completo, considerando-se a matriz de parentesco entre os animais e incluindo-se os efeitos genéticos aditivo, direto e materno, de ambiente permanente materno e os efeitos fixos de grupo contemporâneo, de idade da vaca e da interação entre a idade da vaca e o sexo do produto. Considera-se ainda, como covariáveis, a idade do animal na data da medida e a consanguinidade. Na formação dos grupos contemporâneos são incluídos os efeitos do sexo, ano e estação de nascimento da progênie, fazenda na qual foi criado, regime alimentar, grupo de manejo, data da medida e grupos genéticos do produto e da matriz.

O Índice de Qualificação Genética (IQG) do PampaPlus foi desenvolvido, junto a Embrapa, sob orientação zootécnica da ABHB, de forma a se buscar animais das raças Hereford e Braford capazes de transmitir a seus filhos uma grande capacidade de engorda, precocidade de acabamento para abate, carcaça com peso e conformação almejado pela indústria frigorífica, e que suas filhas sejam sexualmente precoces e capazes de imprimir ganho de peso a suas crias, com boa capacidade de manutenção a campo.

No ano de 2013, foi implementado no PampaPlus um sistema online para recebimento das avaliações enviadas pelos criadores, desenvolvido através de ferramentas Web para auxiliar a coleta e armazenamento das informações relacionadas ao programa. Centralizando e automatizando o fluxo das informações, que hoje são mais de 400 mil registros, através do desenvolvimento do sistema PampaPlusNet usando PHP (linguagem dinâmica) e HTML (linguagem de marcação de texto) (ALVES et al., 2013).

2.4. Coleta de dados

O sucesso de um programa de avaliação genética, independente das metodologias estatísticas utilizadas para predizer o valor genético dos animais, está ligado a qualidade (veracidade) das informações coletadas a campo (ICAR, 2012). Várias são as características avaliadas, pesagens, escores visuais, manejo, enfim, todas no intuito de identificar o quanto do desempenho animal é em razão do efeito genético e o quanto foi determinada pelo efeito ambiental, de maneira que erros nestas informações podem comprometer toda a avaliação do animal e de seus parentados.

Severo (1994) trata a identificação permanente e única para cada animal como o primeiro pré-requisito para o controle de produção e melhoramento de um rebanho. Conforme relata a Federação Americana de Melhoramento de Bovinos de Corte (BIF, 2010), o passo inicial para a coleta dos dados é ter um sistema de identificação individual e intrasferível de cada animal. Existem várias metodologias de utilização de tatuagens, porém o número de identificação do animal deve acompanhá-lo em mais uma maneira, como por exemplo, brinco identificador e tatuagem com tinta no interior da orelha.

Segundo Campos (2006), os animais devem ser tatuados na parte central das orelhas, e esta identificação deve ser complementada por brincos ou marcações a fogo para um correto controle das informações relativas a eles.

No PampaPlus, Cardoso e Lopa (2013), colocam como condições mínimas para o controle do rebanho as necessidades de ter-se balança individual para pesagem dos animais na desmama e no sobreano; mangueiras para manejo; tatuadeiras, brincos e/ou marcas para numeração a fogo no couro; ter definido e quantificado o rebanho ou núcleo a ser controlado; possuir identificação individual de todos animais controlados pelo programa; manter controle da estação reprodutiva das matrizes, com período definido de monta e controle dos nascimentos, anotando ocorrências, identificando os animais ao nascer e sua data de nascimento e contar com técnico credenciado pelo PampaPlus para as avaliação de desmama e sobreano.

2.5. Grupos Contemporâneos (GC)

Cada peso ou medição de um animal é uma observação de seu fenótipo, porém, nem toda superioridade ou inferioridade fenotípica de um animal para uma característica é causada pela genética; parte é devido a circunstâncias ambientais. O peso à desmama, por exemplo, é dependente não só da genética potencial de crescimento de um bezerro, mas também do meio ambiente que ele está inserido, incluindo o rebanho, ano e estação em que ele nasceu, a sua idade de desmame, o seu acesso à nutrição e a produção de leite de sua mãe (COBUCI et al., 2006; BIF, 2010).

Conforme Van Vleck (1987), a avaliação genética de bovinos adequada é complexa. No entanto, a premissa básica inicial é simples, a avaliação dos animais é com base em quão bem eles se mostram em comparação com seus companheiros de rebanho, criados nas mesmas condições ambientais.

Grupos de animais devem ser utilizados para fins de comparação do desempenho de cada indivíduo, estes são chamados de grupos de contemporâneos (GC) e formam a base para realizar estas comparações (COBUCI et al., 2006). Um GC pode ser composto de animais da mesma raça, sexo e faixa etária, mantidos sob condições de manejo semelhantes, sendo uma tentativa de explicar efeitos ambientais que afetam o desenvolvimento dos animais, ou seja, animais que tiverem as mesmas “chances” de mostrar seu mérito genético. Sua definição deve ser cuidadosamente estabelecida, e é adequado que se tenha filhos de no mínimo 2 touros em cada GC (ICAR, 2012), pois conforme Carneiro et al. (2001) dados sem conexidade apresentam redução da variância genética aditiva.

Em teoria, o agrupamento contemporâneo é fácil, mas a sua aplicação prática pode apresentar muitas decisões difíceis. Um erro comum na construção GC ocorre quando os criadores não conseguem atribuir grupos suficientes para acomodar os bezerros (as) que receberam tratamento desigual (ICAR, 2012). É prejudicial criar muitos GC, as atribuições devem ser tão simples quanto possível, enquanto ainda responsável por grandes diferenças de manejo (BIF, 2010).

O criador deve enviar as informações de forma responsável para o programa de avaliação genética, pois erros na identificação dos GC levam os melhoristas a ignorarem, por desconhecimento, diferenças de oportunidade, podendo causar a predição de valores genéticos superestimados, dos animais que tiveram melhores oportunidades, e subestimados, daqueles que tiveram piores chances de expressar seu potencial genético (FERRAZ & ELER, 1998). Assim, pode-se dizer que a qualidade das avaliações genéticas depende, fundamentalmente, da formação dos GC (COBUCI et al., 2006; BIF, 2010; ICAR, 2012).

2.6. Medidas Objetivas

As características objetivas avaliadas atualmente pelo PampaPlus dividem-se em medidas de desenvolvimento ponderal, são elas: peso ao nascer (PN), peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS), ganho pós desmama (GPD) e peso da vaca na desmama (PWD); e a medida reprodutiva de perímetro escrotal ao sobreano (PES) (CARDOSO & LOPA, 2013).

O manual da BIF (2010), ressalta condições gerais de como devem acontecer as pesagens, a medida do peso ao nascer, quando realizada, deve ser mensurada nas primeiras 48 horas de vida do animal; a pesagem dos animais deve ser realizada individualmente; os animais devem permanecer em jejum completo pelo mínimo de 12 horas; os animais de um grupo devem receber as mesmas condições de pesagem; práticas de manejo como castração,

vacinação, marcação ou assinalação, que possam causar estresse, devem ser realizadas em outra ocasião.

A informação do PD serve para identificar o potencial de crescimento do animal, juntamente com a habilidade materna da vaca, sua produção leiteira, e este deve receber o ajuste para a idade padrão de 205 dias, a fim de comparação entre os membros do grupo, (BIF, 2010), enquanto que o PS avaliado em sistemas de pastoreio extensivo deve receber o ajuste para 550 dias (BIF, 2010). A idade dos animais avaliados à desmama no PampaPlus deve se encontrar dentro do limite de 100 a 300 dias, e ao sobreano entre 330 e 670 dias, conforme cita Cardoso e Lopa, (2013).

Para as características de PN e PD diversos autores relatam valores de h^2 como sendo de média magnitude, indicando que os efeitos diretos para estas características são moderadamente herdáveis. Cundiff et al. (1975) relataram valores de 0,22 e 0,14 para PN e PD, respectivamente avaliando animais cruzados Angus × Hereford, já Boldman et al. (1991), para a raça Hereford, estimaram o valor de 0,22 de h^2 para PD com correlação genética de -0,45 entre os efeitos direto e materno (r_{am}). Snelling et al. (1996), utilizando REML, relataram valores de r_{am} para PN de -0,14 e para PD de -0,22, com h^2 de 0,55 e 0,19, respectivamente. De Mattos et al. (2000), estimaram componentes de (co) variância de animais da raça Hereford oriundos de três países, Uruguai, Canadá e USA, onde foram encontrados valores de 0,18; 0,16 e 0,16, respectivamente, para h^2 do PD, com r_{am} de -0,50; -0,35 e -0,42.

Na raça Canchim, utilizando inferência bayesiana (IB), Mello et al. (2006), estimaram valores de h^2 para PN variando de 0,21 a 0,32; Mercadante et al. (2000), estudando fêmeas Nelore relata 0,28 de h^2 para PD.

Diversos trabalhos publicados por Meyer (1993a; 1993b; 1995; 1997) e Meyer et al. (2004), desenvolvidos na Austrália, avaliaram as raças Charolês, Hereford e Angus, com metodologia frequentista, em que os valores de h^2 para PN variaram de 0,21 a 0,58, com r_{am} na faixa de -0,57, enquanto que para PD os valores variaram de 0,12 a 0,30 para h^2 e entre -0,02 a -0,67 para r_{am} .

Cardoso e Tempelman (2004), utilizando modelos hierárquicos bayesianos, avaliaram o GPD de animais puros e cruzados Nelore – Hereford, estimando os seguintes valores de médias, desvios padrão, modas e intervalo de confiança de 95% *a posteriori* para σ_a^2 , 84,3; 9,7; 83,2; 66,6 a 104,5; e seus respectivos valores de σ_e^2 , 105,1; 5,9; 105,6; 93,2 a 116,5. Segundo Oliveira et al. (2010), na raça Brangus – Ibagé, os valores para σ_a^2 do ganho

pós desmama são de 152,84; 19,61; 150,54 e 116,75 a 193,47 para médias, desvios padrão, modas e intervalo de confiança de 95% *a posteriori*, apresentando valores para σ_e^2 de 382,18; 17,60; 381,25; 348,09 a 416,65; respectivamente.

Koots et al. (1994a), relatam valores médios de h^2 média de $0,40 \pm 0,12$ para PS evidenciando a possibilidade de ganho genético para esta característica, referente a 184 trabalhos, sendo a maioria das estimativas obtidas em estudos de populações de bovinos de origem europeia. Koury Filho et al. (2009), relataram h^2 de 0,29, avaliando animais da raça Nelore com σ_a^2 de 230,744 e σ_e^2 de 554,915.

Gianotti et al. (2005), avaliando 186 artigos publicados, estimaram valores de h^2 para características de crescimento em raças zebuínas, $0,30 \pm 0,01$, $0,23 \pm 0,01$, $0,31 \pm 0,01$ foram os valores médios relatados para PN, PD e PS, demonstrando que tais características tendem a responder a seleção individual.

Segundo Silva et al. (2012), as r_G entre o PD com PN, PS e PES, tem médias *a posteriori* de $0,25 \pm 0,18$; $0,80 \pm 0,09$; $0,42 \pm 0,24$ com intervalos de probabilidade de 95% *a posteriori* nas faixas de 0,02 a 0,54; 0,61 a 0,93; 0,02 a 0,78 respectivamente, na raça Brangus. No referido estudo as h^2 para estas características foram de $0,16 \pm 0,04$ (PN); $0,24 \pm 0,05$ (PD); $0,34 \pm 0,08$ (PS) e $0,61 \pm 0,15$ (PES).

Ao analisar efeitos genéticos aditivos e não aditivos para PD, em uma população multirracial de animais Hereford × Nelore, Reyes et al. (2006), encontraram valores negativos para r_{am} de -72,8, valores de 101,8 para σ_a^2 , 183,5 de σ_m^2 , e h^2 de 0,21.

Avaliando animais Tabapuã Ferraz Filho et al. (2002) descrevem valores de h^2 para PS de 0,13, enquanto em animais Nelore foram encontrados valores de 0,34; 0,43 e 0,47 por Garnero et al. (2002), Marcondes et al. (2002) e Siqueira et al. (2003), respectivamente.

Regatieri et al. (2012), estudando fêmeas Nelore estimaram valores de 789,52 para σ_a^2 ; 1034,21 para σ_e^2 e h^2 na faixa de $0,43 \pm 0,02$ para peso adulto da vaca. Esses resultados foram similares aos encontrados por Mercadante et al. (2000), também em vacas Nelore, porém avaliando seu peso na entrada da estação de monta, obtendo valores de h^2 que variam de 0,30 a 0,57.

Valores médios de h^2 de 0,33 e 0,35; para peso nas idades de 3 e 5 anos na raça Nelore, respectivamente, são descritos por Boligon et al. (2009), onde obteve r_G de 0,24 entre o peso aos 3 anos e o peso a desmama, e r_G de 0,19 entre o peso aos 5 anos e o peso a desmama.

Segundo Cardoso e Lopa (2013), o perímetro escrotal é uma medida fácil de ser efetuada e está estreitamente relacionada à fertilidade, além de apresentar uma herdabilidade de média a alta. Outro fator importante relacionado ao perímetro escrotal é sua relação com precocidade reprodutiva, tanto do macho como da fêmea. (FRIES, 1972).

O perímetro escrotal deve ser medido no sobreano, utilizando uma fita métrica flexível colocada em torno do maior diâmetro da bolsa escrotal depois que os testículos tenham sido posicionados lado a lado na bolsa, como apresenta a figura 2.1. A unidade de medida do perímetro escrotal é centímetro, com uma casa decimal (por exemplo, 36,4 cm) (BIF, 2010; ICAR, 2012; CARDOSO & LOPA, 2013).

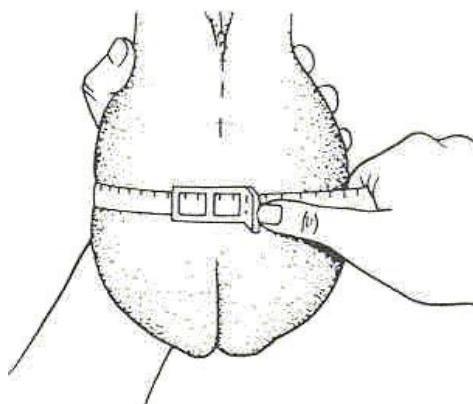


Figura 2.1 – Mensuração do perímetro escrotal ao sobreano (PES).

A utilização do PES como critério de seleção ocorre basicamente por duas razões: quanto maior o tecido glandular maior será o volume (quantidade de células germinativas) para produção de espermatozoides, e a segunda é em função de sua associação com a idade ao primeiro parto nas fêmeas. Na raça Canchin, Castro-Pereira et al. (2007), encontraram r_G de -0,37 entre perímetro escrotal mensurado aos 12 meses de idade e a idade ao primeiro parto, demonstrando que a seleção para o perímetro escrotal tende resultar em fêmeas mais precoces sexualmente, Pereira et al. (2000), também relataram que a seleção direta para PES, na raça Nelore, deve influenciar na diminuição da idade ao primeiro parto nas fêmeas.

Estudando animais da raça Brahman na *Subtropical Agricultural Research Station, Brooksville, Florida – USA*, Vargas et al. (1998), encontraram valores para h^2 do PES em torno de 0,28 relatando também r_G negativas com a idade a puberdade das fêmeas.

Na raça Hereford, Bourdon e Brinks (1986) e Evans et al. (1999), avaliando o perímetro escrotal mesurado aos 12 meses de idade, encontraram valores de h^2 de $0,49 \pm 0,06$ e $0,71 \pm 0,13$, respectivamente. Oliveira et al. (2004), descreve valores de h^2 na faixa

de $0,45 \pm 0,35$ para perímetro escrotal aos 14 meses em novilhos Hereford. Bourdon e Brinks (1986), descrevem r_G positivas de 0,20 do perímetro escrotal mensurado aos 12 meses de idade com o peso à desmama. Davis et al. (1993), em ampla revisão sobre PES das raças Brahman, Brangus e Braford criadas no norte da Austrália relata valores de h^2 de 0,31.

Em extensa revisão, Koots et al. (1994a), relataram valores de h^2 para PES na faixa de 0,45. Em animais cruzados Angus × Nelore, Everling et al. (2001), encontrou valores de 0,21 para h^2 do PES, apresentando r_G positiva com peso à desmama na faixa de 0,16.

Valores de h^2 de $0,42 \pm 0,04$ para PES na raça Nelore foram encontrados por Yokoo et al. (2007) e Dias et al. (2003), identificando os efeitos de idade linear e quadrático ao sobreano e de PS como influentes sobre a variabilidade genética de PES.

2.7. Escores Visuais

Os escores visuais consistem em uma técnica desenvolvida para avaliação visual de características consideradas pelos técnicos e criadores importantes economicamente, funcionalmente e reprodutivamente, que se deseja transmitir às futuras gerações dessa população, sendo observadas e a elas são conferidas notas, classificando o animal num escore de melhor (ponta) ao pior (fundo). Nos programas de melhoramento animal, esse tipo de seleção aproveitando o “olho prático” do criador e/ou do técnico, veio somar às medidas objetivas já existentes, pois se observou que muitos animais superiores em desenvolvimento ponderal não apresentavam um biótipo desejado (CARDOSO et al., 2001; CARDOSO et al., 2004; KOURY FILHO et al., 2009; CARDOSO & LOPA, 2013).

Essas avaliações devem ser feitas sempre pela mesma pessoa, um técnico capacitado e treinado, de forma a padronizar a coleta de dados e obter maior consistência nas informações que deve ter em mente o biótipo referência e as definições de cada característica em questão, sabendo com precisão que região do animal deve ser observada.

A primeira avaliação dos animais é realizada ao desmame, em torno dos 205 dias de idade, e a outra ao sobreano (em torno dos 550 dias de idade) (CARDOSO et al., 2001). Essas avaliações devem ocorrer juntamente com as pesagens (FRIES, 1972; CARDOSO & LOPA, 2013).

O PampaPlus utiliza avaliações visuais medidas por escores do indivíduo parte em relação ao seu grupo contemporâneo e parte em relação a padrões pré-estabelecidos, isto é, o indivíduo não é comparado ao grupo em que está inserido mas aos padrões definidos pelo programa (CARDOSO & LOPA, 2013).

2.7.1. Musculatura (MUS)

Segundo Koury Filho (2009), num programa de avaliação genética a seleção para musculosidade é de grande importância para termos animais de boa musculatura e, consequentemente, com mais rendimento de carne ao abate, refletindo diretamente no bolso do criador.

Os músculos devem ser desenvolvidos, evidenciando a presença de massa muscular com aspecto firme distribuída harmonicamente pelo corpo (Figura 2.2), sendo a região dorso-lombar e os posteriores de maior importância econômica. (CARDOSO & LOPA, 2013).



Figura 2.2 – Locais no corpo do animal indicadores de boa musculatura

As notas dadas a Musculosidade do animal no PampaPlus vão de 1 a 5 conforme a figura 2.3.

Escores	Descrição
1	Muito inferior
2	Inferior
3	Aceitável
4	Boa
5	Muito boa

Figura 2.3 – Notas para musculatura (MUS)

O escore de musculatura tem sido estudado a muito tempo nas diversas raças de bovinos, apresentando valores de h^2 desde baixas até médias – altas, com valores maiores para avaliação ao sobreano.

Estimados por inferência bayesiana (IB), valores médios de 0,25 de h^2 para musculatura a desmama são apresentados na raça Braford por Magalhães et al. (2012). Na raça Hereford, Gordo et al. (2012), encontraram valores médios de 0,18 para musculatura ao sobreano.

Na raça Angus Cardoso et al. (2001), estudando o escore de musculatura na desmama estimaram valores de h^2 de 0,19, e Cardoso et al. (2004), encontraram valores de h^2 para musculatura ao sobreano de 0,26 por metodologia REML. Na raça Nelore, Koury Filho et al. (2009), também com metodologia frequentista, encontraram h^2 de $0,48 \pm 0,11$ para musculatura ao sobreano obtendo correlações genéticas de 0,50 com o peso ao sobreano.

Utilizando IB Boligon e Albuquerque (2010) estimaram valores médios de h^2 para a raça Nelore de $0,20 \pm 0,02$ para musculatura ao desmame e de $0,32 \pm 0,02$ para musculatura ao sobreano, indicando que os escores visuais devem responder a seleção individual e, considerando as mesmas intensidades de seleção em ambas as idades, a resposta a seleção ao sobreano será maior. Pires et al. (2010), estudando modelo animal linear e de liminar em IB encontraram médias de h^2 na raça Nelore para musculatura ao sobreano de $0,20 \pm 0,02$ com intervalo de probabilidade *a posteriori* (IPP) entre 0,15 – 0,30. Em estudo similar, porém na fase de desmama, Faria et al. (2008), encontraram valores entre 0,12 e 0,19, os dois trabalhos sem diferença entre os modelos estatísticos. Yokoo et al. (2009), relatam valores de 0,49 de h^2 para musculatura na raça Nelore, e Júnior et al. (2001), demonstraram que a idade da vaca, a data de nascimento do bezerro (a) e sua data de desmama influenciam o escore de musculatura.

Com o objetivo de definir critérios de seleção para a raça Brangus, Costa et al. (2008), estimaram parâmetros genéticos para musculatura ao desmame e ganho do nascimento a desmama, demonstrando correlações de 0,78 entre essas características, com h^2 de $0,15 \pm 0,02$ para musculatura e evidenciando valores de 0,0952; 0,0548; 0,4773 para σ_a^2 , σ_{mpe}^2 e σ_e^2 , respectivamente.

2.7.2. Estatura (EST)

A estatura é importante de ser mensurado num programa de avaliação genética para monitoramento do tamanho, evitando assim, animais muito grandes, consequentemente mais tardios na terminação e sexualmente, bem como vacas com maiores necessidades de

mantença, indicando a altura do animal em relação aos seus contemporâneos conforme a figura 2.4. (CARDOSO & LOPA, 2013).

As notas para o escore de Estatura dos animais no PampaPlus são de 1 a 5 (Figura 2.4).

Escores	Descrição
1	Muito pequeno
2	Pequeno
3	Médio
4	Grande
5	Muito grande

Figura 2.4 – Notas para Estatura (EST)

Segundo Yokoo et al. (2007), estudando animais da raça Nelore, a seleção para peso nas diferentes idades da vida do animal, tende a aumentar a estatura dos animais, sendo importante trabalhar com índices de seleção aliando estas características para se obter animais com equilíbrio entre tamanho e peso.

2.7.3. Estrutura Corporal (EC)

Segundo Cardoso e Lopa (2013), a estrutura é a indicação do volume corporal do animal, cujas dimensões a serem observadas são: comprimento, profundidade, arqueamento de costelas, abertura de peito e o comprimento e largura do quarto, como na figura 2.5 (de trás, de lado e de cima). Já desvios de coluna, tais como lordose e xifose, são condenáveis. A área que o animal abrange está intimamente ligada aos seus limites em deposição de tecido muscular e, avaliada em conjunto com precocidade e musculosidade, dá uma noção mais precisa do biótipo do indivíduo (KOURY FILHO et al., 2009).

Faria et al. (2009) relataram valores de 0,68 para h^2 de EC a desmama, e de 0,44 ao sobreano, estudando bovinos da raça Nelore via IB.

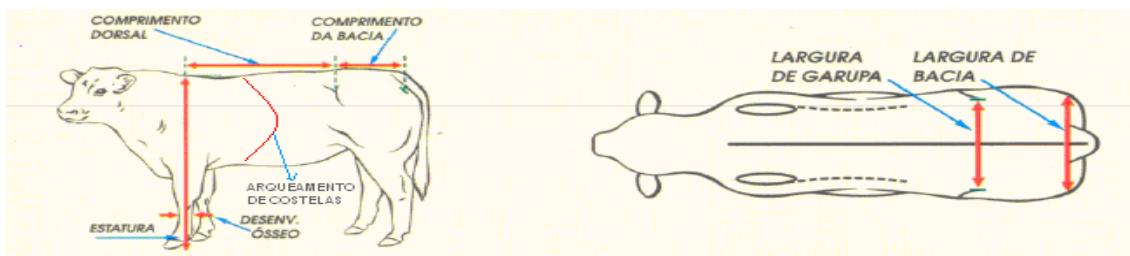


Figura 2.5. Pontos de expressão da estrutura corporal

As notas para o escore de Estrutura Corporal dos animais no PampaPlus vão de 1 a 5 conforme a Figura 2.6.

Escore	Descrição
1	Deficiente
2	Inferior
3	Aceitável
4	Bom
5	Muito bom

Figura 2.6 – Notas para estrutura corporal (EC)

Koury Filho et al. (2009), descreveram valores de componentes de variância aditivos e ambientais para estrutura ao sobreano na raça Nelore, obtendo $0,429$ para σ_a^2 e $1,385$ para σ_e^2 , com h^2 de $0,24 \pm 0,09$, demonstrando que pode-se obter resposta a seleção individual para este escore.

2.7.4. Tamanho de umbigo (TU)

A forma e tamanho do umbigo e prega prepucial pode interferir negativamente na capacidade reprodutiva do touro, inviabilizando muitas vezes a finalização da monta. As avaliações são tomadas a partir de uma referência do tamanho e do posicionamento do umbigo (umbigo, bainha e prepúcio). Os animais são avaliados de acordo com critérios pré-definidos para cada uma das raças (Figura 2.7). Segundo Cardoso e Lopa (2013), as características de um bom umbigo e prepúcio são: aspecto sadio, sem aumento de volume; um ângulo não maior que 45° ; o orifício prepucial voltado para frente e não para baixo; deve ser leve, sem excesso de pregas nem penduloso demais e sem prolapsos prepuciais.

Escores	Descrição
1	Correto
2	Bom
3	Regular
4	Admissível
5	Inaceitável

Figura 2.7 – Notas para tamanho do umbigo (TU)

2.7.5. Escore de condição corporal da vaca ao desmame (CCVD)

A Condição corporal da vaca é um indicativo de desempenho reprodutivo, tanto na manifestação de cio no pós-parto, quanto na taxa de prenhez no final da temporada reprodutiva (MORAES et al., 2005).

Devem-se considerar para a avaliação a coluna vertebral na região dos rins, as costelas, a inserção da cauda e a forma do quarto.

As notas para a Condição Corporal da Vaca são de 1 a 5. (Figura 2.8 e 2.9).

Escores	Descrição
1	Muito magra
2	Magra
3	Razoável
4	Boa
5	Muito boa

Figura 2.8 – Notas para condição corporal da vaca ao desmame

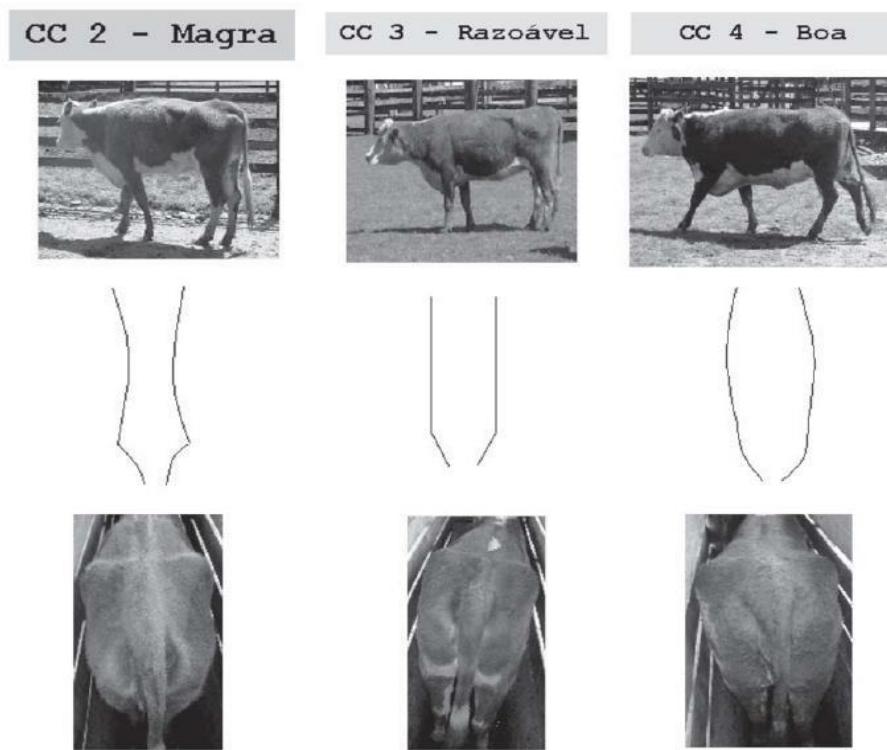


Figura 2.9 – Escores 2, 3 e 4 de condição corporal, (Fonte: Moraes et al., 2005).

2.8. Inferência Bayesiana

A inferência bayesiana recebe este nome em homenagem a Thomas Bayes, um sacerdote que viveu durante entre 1701 – 1761, o qual supostamente teria desenvolvido o teorema de Bayes, este apresentado postumamente, em uma reunião da “*Royal Society*” de Londres, da qual ele era membro, conforme apresenta o autor Bellhouse (2004), na biografia comemorativa aos 300 anos do aniversário do reverendo. Porém, segundo Blasco (2001), Thomas Bayes nunca teria publicado um trabalho em matemática durante todo sua vida, e aparentemente, o princípio sobre o qual inferência bayesiana é baseada foi formulado antes. Stigler (1983) atribui a Saunderson (1683-1739), um professor cego que publicou um grande número de trabalhos sobre vários campos da matemática.

Blasco (2001), no artigo “*Bayesian controversy*” publicado no periódico *Journal of Animal Science*, coloca que, a escola bayesiana na prática foi fundada por Count Laplace, por meio de vários trabalhos publicados de 1774 a 1812, com um papel preponderante na investigação científica (STIGLER, 1986).

Mesmo com o conhecimento dos fundamentos da teoria bayesiana desde o século 18, sua utilização em melhoramento genético animal foi introduzido por Gianola e Fernando

(1986), onde evidenciam que as bases do método bayesiano consistem em descrever todos os erros que podem existir em torno de um parâmetro, usando como medida do erro a probabilidade de que o parâmetro tome determinados valores. No caso em que se necessita de uma estimativa pontual de dado parâmetro pode se usar a moda, média ou mediana.

Conforme apresentado por Gianola e Fernando (1986), as bases do paradigma bayesiano são exemplificados considerando um vetor desconhecido θ , um conjunto de dados y e sua densidade conjunta $f(\theta, y)$. Pela teoria básica de probabilidades, tem-se,

$$f(\theta, y) = f(y | \theta)f(\theta)$$

e

$$f(\theta, y) = f(\theta | y)f(y),$$

onde, $f(\theta)$ e $f(y)$ são as densidades marginais de θ e y , respectivamente.

Ao combinar estas expressões obtém-se o Teorema de Bayes,

$$f(\theta, y) = \frac{f(y | \theta)f(\theta)}{f(y)}$$

A análise bayesiana sob o modelo linear misto consegue tratar todos os parâmetros do modelo, incluindo os componentes de (co)variância, como variáveis aleatórias, estimando sua distribuição *a posteriori* marginal, e para isso a inferência bayesiana conta com a possibilidade de agregar informações *a priori* de conhecimento prévio sobre os parâmetros de interesse, entretanto, não deve-se considerar essa aleatoriedade como mudanças no valor dos parâmetros no tempo ou espaço, mas sim como relacionada ao nível de incerteza no conhecimento destes parâmetros. (GIANOLA & FERNANDO, 1986; TEMPELMAN, 1998; BLASCO, 2001; SORENSEN & GIANOLA, 2002).

Gianola et al. (1986; 1990), apresentam a implementação do paradigma bayesiano no modelo linear misto. Supondo a seguinte função de verossimilhança (1º estágio):

$$Y \sim N(X\beta + Zu, R)$$

ou

$$p(y | \beta, u) = \frac{1}{(2\pi)^{n/2} |R|^{1/2}} \exp\left(-\frac{1}{2}(y - X\beta - Zu)'R^{-1}(y - X\beta - Zu)\right),$$

onde,

X e Z são matrizes de delineamento conhecidas,

β é o vetor de efeitos “fixos”, e

u é o vetor de efeitos aleatórios.

O termo efeito “fixo” parece um tanto inapropriado, pois em inferência bayesiana todos os parâmetros são considerados aleatórios.

No 2º estágio, especifica-se as *prioris* para os parâmetros definidos no 1º estágio:

$$\beta \sim p(\beta) \propto \exp\left(-\frac{1}{2}(\beta - \beta_0)'V_\beta^{-1}(\beta - \beta_0)\right) \quad [1]$$

onde V_β será normalmente diagonal se a pressuposição de independência a priori dos elementos de β for razoável e

$$u \sim p(u | G) \propto \exp\left(-\frac{1}{2}u'G^{-1}u\right) \quad [2]$$

Acima está implícito que β e u são independentes *a priori*.

Supondo que β_0 e V_β , e também R e G , são conhecidos, como implícito pela notação de proporcionalidade nas prioris de β e u em [1] e [2], leva-se o interesse de inferência em β e u .

A questão agora é se as *priori* são subjetivas ou estruturais em [1] e [2]. No caso dos efeitos "fixos", pode-se ter fatores com classes de idade, sexo e outras categorias das quais os níveis não são naturalmente *intercambiáveis*, portanto a especificação em β acima pode ser completamente subjetiva e usada somente para assegurar uma densidade posterior própria.

A especificação em u , entretanto, é tipicamente estrutural, por exemplo,

$$G = A\sigma_u^2,$$

onde A é uma matriz de correlações conhecida, tal como, a matriz do numerador do parentesco, caso no qual, modela-se o processo mendeliano de herança aditiva com uma especificação estrutural conhecida.

Dadas essas especificações, podemos obter a densidade posterior conjunta, como segue:

$$p(\beta, u | R, G, \beta_0, V_\beta, y) \propto \exp\left(-\frac{1}{2}(y - X\beta - Zu)'R^{-1}(y - X\beta - Zu)\right)$$

$$\exp\left(-\frac{1}{2}u'G^{-1}u\right) \exp\left(-\frac{1}{2}(\beta - \beta_0)'V_\beta^{-1}(\beta - \beta_0)\right).$$

Por economia de notação escreve-se $\theta = \begin{bmatrix} \beta \\ u \end{bmatrix}$, sendo a *priori*, pode ser descrita por,

$$\theta | \theta_0, \Sigma \sim N\left(\theta_0 = \begin{bmatrix} \beta_0 \\ u \end{bmatrix}, \Sigma = \begin{bmatrix} V_\beta & 0 \\ 0 & G \end{bmatrix}\right),$$

e de acordo com a função de verossimilhança é descrita por,

$$p(y | R, \theta) \propto \exp\left(-\frac{1}{2}(y - W\theta)'R^{-1}(y - W\theta)\right),$$

onde, $W = [X \quad Z]$. Então pode-se descrever a densidade posterior de θ como,

$$\begin{aligned} p(\theta | \theta_0, \Sigma, R, y) &\propto \exp\left(-\frac{1}{2}(y - W\theta)'R^{-1}(y - W\theta)\right) \exp\left(-\frac{1}{2}(\theta - \theta_0)' \Sigma^{-1}(\theta - \theta_0)\right) \\ &= \exp\left(-\frac{1}{2}(y - W\theta)'R^{-1}(y - W\theta) - \frac{1}{2}(\theta - \theta_0)' \Sigma^{-1}(\theta - \theta_0)\right) \\ &= \exp\left(-\frac{1}{2}(y'R^{-1}y - 2\theta'W'R^{-1}y + \theta'W'R^{-1}W\theta + \theta'\Sigma^{-1}\theta - 2\theta'\Sigma^{-1}\theta_0 + \theta_0'\Sigma^{-1}\theta_0)\right) \\ &\propto \exp\left(-\frac{1}{2}(-2\theta'(W'R^{-1}y + \Sigma^{-1}\theta_0) + \theta'(W'R^{-1}W + \Sigma^{-1})\theta)\right) \end{aligned}$$

ao definir-se,

$$\hat{\theta} = (W'R^{-1}W + \Sigma^{-1})^{-1}(W'R^{-1}y + \Sigma^{-1}\theta_0)$$

simplifica-se a expressão acima para,

$$\propto \exp\left(-\frac{1}{2}(-2\theta'(W'R^{-1} + \Sigma^{-1})\hat{\theta} + \theta'(W'R^{-1}W + \Sigma^{-1})\theta)\right).$$

Ao adicionar e subtrair $\hat{\theta}'(W'R^{-1}W + \Sigma^{-1})\hat{\theta}$ na expressão acima, pode-se descrever a densidade posterior conjunta por:

$$\begin{aligned} &\propto \exp\left(-\frac{1}{2}(-\hat{\theta}'(W'R^{-1} + \Sigma^{-1})\hat{\theta} + (\theta - \hat{\theta})'(W'R^{-1}W + \Sigma^{-1})(\theta - \hat{\theta}))\right) \\ &\propto \exp\left(-\frac{1}{2}((\theta - \hat{\theta})'(W'R^{-1}W + \Sigma^{-1})(\theta - \hat{\theta}))\right), \end{aligned}$$

então, a densidade conjunta de θ é,

$$\theta | y, R, \Sigma, \theta_0 \sim N\left(\hat{\theta}, (W'R^{-1}W + \Sigma^{-1})^{-1}\right)$$

Uma vez que $\theta = \begin{bmatrix} \beta \\ u \end{bmatrix}$ e $W = [X \quad Z]$, equivale a seguinte expressão:

$$\beta, u | y, R, \Sigma, \theta_0 \sim N\left(\begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} X'R^{-1}X + V_\beta^{-1} & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix}^{-1}\right)$$

onde,

$$\begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X' R^{-1} X + V_{\beta}^{-1} & X' R^{-1} Z \\ Z' R^{-1} X & Z' R^{-1} Z + G^{-1} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X' R^{-1} y + V_{\beta}^{-1} \beta_0 \\ Z' R^{-1} y \end{bmatrix}.$$

Como a densidade posterior de β e u é normal multivariada, qualquer combinação linear de β e u , $K'\beta + M'u$ também de densidade posterior gaussiana com média:

$$E(K'\beta + M'u) | y, R, \Sigma, \theta_0 = K'\hat{\beta} + M'\hat{u}$$

e variância:

$$Var(K'\beta + M'u) | y, R, \Sigma, \theta_0 = [K' \quad M'] \begin{bmatrix} X' R^{-1} X + V_{\beta}^{-1} & X' R^{-1} Z \\ Z' R^{-1} X & Z' R^{-1} Z + G^{-1} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} K \\ M \end{bmatrix}$$

$$\text{Pode-se representar } \begin{bmatrix} C_{\beta\beta} & C_{\beta u} \\ C_{u\beta} & C_{uu} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X' R^{-1} X + V_{\beta}^{-1} & X' R^{-1} Z \\ Z' R^{-1} X & Z' R^{-1} Z + G^{-1} \end{bmatrix}^{-1}$$

Em razão das propriedades da distribuição normal, $\beta | y, R, \Sigma, \theta_0 \sim N(\hat{\beta}, C_{\beta\beta})$ e $u | y, R, \Sigma, \theta_0 \sim N(\hat{u}, C_{uu})$. Similarmente, densidades posteriores marginais univariadas podem ser facilmente derivadas para os elementos de β e u . Por exemplo, a densidade marginal de $u_i | y$ é $N(\hat{u}_i, c_{uu_i})$ onde \hat{u}_i é o i -ésimo elemento de \hat{u} e c_{uu_i} é o i -ésimo elemento diagonal de C_{uu} .

Supondo agora a especificação de informação *a priori* vaga sobre β , mediante a uma *priori* em β como elementos diagonais em $V_{\beta} \rightarrow \infty$ e, portanto, com elementos diagonais em $V_{\beta}^{-1} \rightarrow 0$,

$$\beta \sim p(\beta) \propto \exp\left(-\frac{1}{2}(\beta - \beta_0)'0(\beta - \beta_0)\right) = 1$$

isto é, a densidade *a priori* em β é especificada como plana ou constante. Isto é o que tipicamente é referido como efeito fixo no contexto bayesiano. A densidade posterior de β e u , condicional G e R conhecidos é definida como,

$$p(\beta, u | R, G, y) \propto \exp\left(-\frac{1}{2}(y - X\beta - Zu)'R^{-1}(y - X\beta - Zu)\right) \exp\left(-\frac{1}{2}u'G^{-1}u\right).$$

Percebe-se que esta é precisamente a mesma função maximizada por Henderson et al. (1959) com respeito a β e u , ou por eles considerada como densidade conjunta dos dados e efeitos aleatórios, isto é,

$$p(\beta, u|R, G, y) \propto p(y|\beta, u, R) p(u|G) p(\beta),$$

e quando a $p(\beta) \propto$ constante,

$$p(\beta, u|R, G, y) \propto p(y|\beta, u, R) p(u|G) = p(y, u|R, G, \beta).$$

Portanto Henderson et al. (1959), estavam realizando uma análise de Bayes para estimar modas de β e u com priori plana em β .

Na abordagem de Henderson et al. (1959), a densidade conjunta dos efeitos fixos e aleatórios simplifica em uma forma gaussiana, da seguinte maneira,

$$\beta, u | y, R, G \sim N \left(\begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} X' R^{-1} X & X' R^{-1} Z \\ Z' R^{-1} X & Z' R^{-1} Z + G^{-1} \end{bmatrix}^{-1} \right),$$

onde,

$$\begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X' R^{-1} X & X' R^{-1} Z \\ Z' R^{-1} X & Z' R^{-1} Z + G^{-1} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X' R^{-1} y \\ Z' R^{-1} y \end{bmatrix}.$$

Sendo assim, as médias posteriores de β e u são coincidentes com BLUE de β e BLUP de u , usando as equações de modelos mistos de Henderson.

Os métodos frequentistas, como é o caso do REML (máxima verossimilhança restrita), obtêm estimativas pontuais da variância genética, diante de uma simples medida de erro, tendo sentido somente em amostras muito grandes e com distribuição normal dos dados, pois em análises em que não há o conhecimento das médias e variâncias, haveria de se utilizar as estimativas de REML como se fossem os parâmetros verdadeiros, ignorando o seu erro. Por outro lado, como as análises bayesianas permitem calcular a densidade marginal posterior do parâmetro de interesse, com tal distribuição quantifica-se o erro de um parâmetro desconhecido, apresentando maior precisão dos parâmetros estimados (GIANOLA et al., 1994).

Mais recentemente, a introdução de métodos de Monte Carlo baseados em cadeias de Markov, denominados MCMC (do inglês *Markov Chain Monte Carlo*), tem contribuído substancialmente no sentido de viabilizar a implementação do paradigma bayesiano (SORENSEN et al., 1994). Os métodos MCMC constituem uma família de processos

iterativos para aproximar a geração de amostras das distribuições, (TEMPELMAN, 1998). A amostragem de Gibbs (*Gibbs sampling*) é um desses métodos.

Então com utilização da Inferência Bayesiana é possível obter, além das estimativas, o intervalo de credibilidade para a distribuição *a posteriori* dos componentes de (co)variância, sendo um método vantajoso de análise, principalmente quando o arquivo de dados é muito grande e os modelos são bastante complexos (Van Tassell et al., 1995; Van Tassell & Van Vleck, 1996), permitindo estabelecer regiões de credibilidade para cada parâmetro ou combinação de parâmetros, as quais são facilmente construídas a partir das amostras obtidas no esquema de amostragem Gibbs (SONRENSEN & GIANOLA, 2002).

A utilização de métodos estatísticos bayesianos têm apresentado novas perspectivas a questões relacionadas à estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos, utilizando os métodos MCMC (TEMPELMAN, 1998). O algoritmo de Gibbs é aplicado para gerar um valor para cada parâmetro desconhecido e apresenta fácil implementação, principalmente quando comparado a algoritmos baseados em processos não derivativos, uma vez que os resultados permitem uma inferência bayesiana que gera distribuições posteriores marginais completas, a partir das quais são obtidas as estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos.

3.Material e métodos

O banco de dados utilizado para o trabalho é proveniente do programa de avaliação genética PampaPlus, coletados no período de 2008 a 2013 e contém informações do rebanho de 50 criatórios das raças Hereford e Braford, localizados no Rio Grande do Sul (48), Santa Catarina (1) e República Oriental do Uruguai (1), totalizando 87.933 animais na base de dados. (Tabela 3.1)

Tabela 3.1 Classificação dos animais quanto a raça, sexo e grau de sangue (GS).

Raça	GS*	Sexo		Total
		Machos	Fêmeas	
Hereford		9.907	20.742	30.649
Braford 38	3/8 z	14.870	26.590	41.460
Braford 12	1/2 z	247	4.653	4.900
Braford 14	1/4 z	991	6.697	7.688
Braford 58	5/8 z	38	73	111
Braford 34	3/4 z	102	854	956
Braford 18	1/8 z	21	30	51
Nelore		42	5	47
Sindi		2	1	3
Brahman		3	-	3
Tabapuã		2	-	2
Gado Geral**		961	1.102	2.063
Total		27.186	60.747	87.933

*O GS indica a proporção de sangue zebuíno (z) na composição genética do animal Braford.

**Animais que não se enquadram em nenhuma das raças para fins de registro genealógico.

Os animais foram agrupados em 4 categorias: animais da base de registro genealógico (BAS), são ancestrais registrados no pedigree dos pais de produtos avaliados no programa, recuperados para representar os laços genéticos na matriz de parentesco; touros pais (PAI), reprodutores com filhos avaliados no programa; vacas mães (MAE), matrizes com filhos avaliados no programa; e produtos (PRO), animais com informações de genealogia, avaliados pelo programa e que ainda não tem filhos avaliados. (Tabela 3.2)

Tabela 3.2 Classificação dos animais quanto a categoria que estão inclusos no banco de dados do PampaPlus.

Categoria*	Número de animais
BAS	8.424
PAI	846
MAE	29.441
PRO	49.222
Total	87.933

*BAS= animais da base do registro genealógico, PAI= reprodutores com filhos avaliados no programa, MAE= matrizes com filhos avaliados no programa, PRO= animais avaliados pelo programa e que ainda não tem filhos avaliados.

As características avaliadas no PampaPlus dividem-se em medidas objetivas e de escores visuais.

3.1. Medidas Objetivas

As medidas tomadas através de instrumentos objetivos de aferição constituem nos registros do peso dos animais envolvidos no programa nas diferentes idades de avaliação, são eles: peso ao nascer (PN), peso a desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e peso da vaca na desmama (PWD). Além disso, são obtidos o ganho pós desmama (GPD) e o perímetro escrotal ao sobreano (PES).

Para o PD foi realizado o ajuste para 205 dias de idade (PD205), a fim de padronização, como se todos os animais tivessem a mesma idade no dia da pesagem, subtraindo o PN do PD, dividindo pela a idade em dias na desmama (IDD), multiplicando por 205 e somando novamente o PN:

$$PD205_j = \frac{PD_j - PN_j}{IDD_j} \times 205 + PN_j,$$

em que,

$PD205_j$ = peso ajustado aos 205 dias do jésimo animal;

PD_j = peso real a desmama do jésimo animal;

PN_j = peso ao nascer do jésimo animal;

IDD_j = idade em dias na desmama do jésimo animal.

Para animais que não tinham a informação de PN foi utilizado o valor médio calculado para cada sexo dentro de cada raça (tabela 3.3), e as medidas de PD somente foram

consideradas quando a IDD do animal se encontrava dentro do intervalo de 100 – 300 dias de idade.

Para o PS foi realizado o ajuste para 550 dias de idade (PS550), a fim de padronização, como se todos os animais tivessem a mesma idade no dia da pesagem, subtraindo o PD do PS, dividindo pela diferença entre a idade ao sobreano (IDS) e a IDD, multiplicando por 345 e somando o PD205:

$$PS550_j = \frac{PS_j - PD_j}{IDS_j - IDD_j} \times 345 + PD205_j.$$

em que,

$PS550_j$ = peso ajustado aos 550 dias do jésimo animal;

PS_j = peso real ao sobreano do jésimo animal;

PD_j = peso real a desmama do jésimo animal;

IDS_j = idade em dias no sobreano do jésimo animal;

IDD_j = idade em dias na desmama do jésimo animal;

$PD205_j$ = peso ajustado aos 205 dias do jésimo animal.

Animais que não tinham a informação de PD205 foram retirados da análise, e as medidas de PS somente foram consideradas quando a IDS do animal se encontrava dentro do intervalo de 330 – 670 dias de idade.

O GPD foi calculado em kg e ajustado para 345 dias (GPD345) pela diferença do PS550 com PD205, dividida pela diferença da IDS com a IDD:

$$GPD345_j = \frac{PS550_j - PD205_j}{IDS_j - IDD_j} \times 345,$$

em que,

$GPD345_j$ = ganho pós desmama ajustado para 345 dias do jésimo animal;

$PS550_j$ = peso ajustado aos 550 dias do jésimo animal;

$PD205_j$ = peso ajustado aos 205 dias do jésimo animal;

IDS_j = idade em dias no sobreano do jésimo animal;

IDD_j = idade em dias na desmama do jésimo animal.

Na tabela 3.3 são apresentados as estatísticas descritivas referentes aos dados de características objetivas.

Tabela 3.3 Estatísticas descritivas das características objetivas de peso ao nascer (PN), peso ao desmame (PD), peso ao desmame ajustado aos 205 dias de idade (PD205), peso ao sobreano (PS), peso ao sobreano ajustado aos 550 dias de idade (PS550), ganho pós desmame ajustado para 345 dias (GPD345), peso da vaca na desmama (PWD), perímetro escrotal ao sobreano (PES), das raças Hereford e Braford classificadas por sexo.

Caract.	Braford					Hereford				
	Fêmeas					Fêmeas				
	N ¹	Min ²	Max ³	Média ⁴	DP ⁵	N	Min	Max	Média	DP
PN (kg)	10.320	17,00	58,00	34,12	4,51	7.481	16,00	52,00	33,64	5,35
PD (kg)	16.877	62,00	440,00	174,85	38,06	9.738	62,00	320,00	172,16	40,54
PD205 (kg)	16.010	65,51	555,72	188,74	35,58	9.430	60,65	356,93	171,61	36,20
PVD (kg)	5.053	300,00	865,00	458,88	61,96	3.976	254,00	748,00	460,98	68,18
PS (kg)	9.191	130,00	600,00	290,80	53,37	6.031	122,00	650,00	312,01	62,64
PS550 (kg)	8.680	160,96	582,59	305,30	51,37	5.799	150,33	686,16	312,17	60,01
GPD345 (kg)	8.678	0,93	345,98	115,66	40,63	5.797	1,17	393,63	139,72	51,95
	Machos					Machos				
PN (kg)	9.636	18,00	56,00	35,44	4,85	7.071	16,00	56,00	35,50	5,58
PD (kg)	15.208	61,00	440,00	184,15	42,78	9.142	62,00	371,00	184,93	45,26
PD205 (kg)	14.248	62,49	537,64	199,89	39,40	8.853	61,83	418,97	184,22	39,90
PVD (kg)	4.497	251,00	730,00	461,48	62,98	3.606	265,00	780,00	464,19	69,30
PS (kg)	4.139	169,00	826,00	416,18	80,81	3.009	170,00	750,00	414,96	96,47
PS550 (kg)	3.783	204,49	749,92	436,05	77,48	2.857	174,22	766,20	438,26	95,59
GPD345 (kg)	3.788	10,24	510,13	223,78	67,03	2.858	10,74	637,40	239,10	83,67
PES (cm)	3.370	20,50	44,00	32,30	3,50	2.586	22,00	42,00	33,57	2,99

¹N= número de total de medidas por característica, ²Min= valores mínimos descritos por característica, ³Max= valores máximos descritos por característica, ⁴Média= valor da média aritmética calculada por característica, ⁵DP= desvio padrão associado ao valor da média.

3.2. Escores Visuais

As características subjetivas de escores visuais avaliadas foram: musculatura ao desmame (MUSD) e ao sobreano (MUSS), estatura ao desmame (ESTD) e ao sobreano (ESTS), estrutura corporal ao desmame (ECD) e ao sobreano (ECS), tamanho de umbigo (TUD) e ao sobreano (TUS), e condição corporal da vaca ao desmame (CCVD).

Na tabela 3.4, são apresentados as estatísticas descritivas referentes aos dados de escores visuais.

Tabela 3.4 – Estatísticas descritivas das características de escores visuais de musculatura ao desmame (MUSD), estatura ao desmame (ESTD), estrutura corporal ao desmame (ECD), tamanho de umbigo ao desmame (TUD), musculatura ao sobreano (MUSS), estatura ao sobreano (ESTS), estrutura corporal ao sobreano (ECS), tamanho de umbigo ao sobreano (TUS) e condição corporal da vaca ao desmame (CCVD), das raças Hereford e Braford.

Escore	N ¹	Média ²	DP ³	1*	2*	3*	4*	5*
MUSD	49.122	3,15	1,05	2.951	9.943	18.186	12.838	5.204
ESTD	49.152	3,10	1,03	3.504	9.365	18.890	13.412	3.981
ECD	45.630	3,19	1,04	2.727	8.536	16.409	13.289	4.669
TUD	44.695	1,43	0,64	28.672	13.282	2.384	289	68
MUSS	22.526	3,37	1,00	692	3.522	8.248	6.928	3.136
ESTS	22.528	3,27	0,99	1.055	3.479	8.432	7.369	2.193
ECS	21.043	3,36	1,01	769	3.264	7.342	6.947	2.721
TUS	21.265	1,38	0,64	14.729	5.123	1.213	181	19
CCVD	17.290	3,40	0,79	94	1.602	8.313	5.849	1.432

¹N= número de total de medidas por característica, ²Média= valor da média aritmética calculada por característica, ³DP= desvios padrão associado ao valor da média. *Número total de animais dentro de cada escore visual.

3.3. Consistência e validação dos dados

A partir do arquivo gerado com todos os dados dos animais incluídos na base, foram desenvolvidos um conjunto de scripts utilizando o pacote R versão 2.15.2 (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2011), no intuito de realizar o análises de consistência e validação dos dados informados ao programa.

Inicialmente foram verificadas as datas de nascimento de todos os 483.093 animais que compõem a base de dados da ABHB, e as que apresentavam erros, tais como anteriores a 1950 e filhos mais velhos que os pais, foram apagadas, estimando-se o ano correto de nascimento em função da idade dos pais e do intervalo de geração médio do programa (5 anos).

Dentro do próprio script R, é chamado o programa RENUMF90 (Misztal, 2012), que realiza a busca de todos os ancestrais que compõe o pedigree na base de registro da ABHB dos animais avaliados no PampaPlus. Para pais que estavam sem a informação de seu ano de nascimento, foi utilizado o ano de nascimento do primeiro filho do touro ou vaca identificado na base, subtraindo-se o intervalo de geração médio de 5 anos, para estimar o provável ano de nascimento dos pais.

Animais que se encontravam sem informação de raça, tiveram essa informação inferida em função da raça dos pais ou da raça dos filhos, de acordo com a dos pares no

acasalamento. Quando não foi possível completar a raça por meio destas informações, os animais foram considerados como gado geral (GG).

Para animais Braford que não apresentavam a informação do grau de sangue (GS), similarmente a raça, foram utilizadas as informações de seus pais ou de seus pares de acasalamento e produtos para completar o GS, calculando também a proporção de zebuíno e taurino na composição genética de cada animal da base de dados. Animais sem pais conhecidos e que não foi possível determinar o GS por ambiguidade de informações foram considerados como de primeira geração (1/2 z).

Dados de animais com inconsistência em suas avaliações a campo, como pesos extremamente baixos e ganhos de peso negativos, medidas de escores visuais fora do padrão, identificados como possíveis erros de digitação, foram retirados da análise. Dados de vacas que apresentaram mais de um filho em um intervalo menor que 270 dias, e que estavam sem a informação de parto gemelar, transferência de embrião (TE) ou de fertilização *in vitro* (FIV), foram retirados das análises, sendo retirados também os de mães de filhos informados como sendo TE ou FIV.

Foram criadas classes para idade da mãe, aninhadas dentro do sexo do (a) bezerro (a), num total de 13 classes para cada sexo (macho ou fêmea), onde a classe 1 corresponde a vacas com 2 anos, e a classe 13 corresponde a vacas com 14 ou mais anos de idade.

3.4. Formação dos grupos contemporâneos (GC)

Os animais foram agrupados por grupos de contemporâneos ao desmame (GCD) e grupos de contemporâneos ao sobreano (GCS). Os GCDs foram formados concatenando as seguintes informações: fazenda; ano de nascimento; sexo; raça; GS (quando Braford em suas diferentes composições genéticas); raça da mãe; GS da mãe; regime alimentar; grupo de manejo, e data da pesagem ao desmame. Após combinar todas essas classificações para formar o GC, calculou-se a diferença de idade máxima entre os animais do grupo, de maneira que, quando este intervalo estava superior a 90 dias de idade, o GC era subdividido até que a diferença de idade nos novos GCs não excedesse esse limite de 90 dias.

Os GCSs foram formados concatenando as seguintes informações: GCD (de maneira que dois diferentes GCD não poderiam montar um único GCS); regime alimentar ao sobreano; grupo de manejo ao sobreano e data da pesagem ao sobreano.

Foram calculadas as médias e seus respectivos desvios padrão para as características objetivas dentro de cada GC, animais que se distanciaram $\pm 3,5$ desvios

padrão da média do GC ao qual pertenciam foram retirados da análise, foram excluídos GC com menos de 3 animais, restando 4.056 GCDs e 2.883 GCSs.

3.5. Estimativas dos componentes de (co) variâncias e dos parâmetros genéticos

Para a estimativa dos componentes de (co) variância das características objetivas dos animais, foram montados os seguintes arquivos bi característica utilizando o PD205 como característica comum em todos eles (âncora da avaliação genética), por apresentar o maior volume de dados: PD205PN.txt, PD205PS550.txt, PD205GPD345.txt, PD205PES.txt, PD205PVD.txt e PD205CCVD.txt. Os escores visuais dos animais foram analisados em arquivos bi características, sendo agrupados pela medida ao desmame e ao sobreano do mesmo escore, são eles: MUSDMUSS.txt, ESTDESTS.txt, ECDECS.txt, TUDTUS.txt.

Para obtenção dos valores *a priori* dos componentes de (co) variância, foi realizada uma pré análise em todos os arquivos bi características por máxima verossimilhança restrita utilizando o programa AIREMLF90 (Misztal, 2012).

Para análise bayesiana foi utilizado o programa INTERGEN_v1.2 (Cardoso, 2010), considerando o modelo animal completo, por amostragem de *Gibbs* em métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC).

Os valores iniciais para os componentes de (co) variância estimados por máxima verossimilhança foram incorporados ao arquivo de parâmetros, como prioris próprias pouco informativas. Para o período de aquecimento (*burn-in*) foram descartadas os primeiros 40.000 ciclos de um total de 440.000 ciclos, salvando amostras a cada 40 ciclos, totalizando 10.000 amostras por arquivo.

O modelo matemático utilizado para descrever os registros de performance foi o seguinte:

$$y_{ijkl} = \mu + GC_i + Cidv_j + \beta_{IDD}(ida_k) + \beta_{IDD^2}(ida_k^2) + a_k + m_l + mpe_l + e_{ijkl}$$

onde,

y_{ijkl} é a observação do k ésimo animal, pertencente ao i ésimo GC e dentro da j ésima classe de idade da vaca;

μ é a constante;

GC_i é o efeito do i ésimo GC ($i = 1, 2, 3, \dots, 4.056$ para GCD; ou $i = 1, 2, 3, \dots, 2.883$ para GCS);

$Cidv_j$ é o efeito da j ésima classe da idade da vaca aninhado dentro do sexo do animal k ($j=1,2,3\dots,13$);

β_{IDD} e β_{IDD^2} são os coeficientes lineares e quadráticos, respectivamente, associados a idade (ida_k) do animal k na data da observação;

a_k é o efeito genético aditivo direto k ésimo animal;

m_l é o efeito genético aditivo materno da l ésima mãe, do k ésimo animal;

mpe_l é o efeito de ambiente permanente materno da l ésima mãe, do k ésimo animal;

e_{ijkl} é o resíduo com distribuição normal homocedástica.

Para os arquivos que contém medidas das vacas mães, PDPVD.txt e PDCCVD.txt, o efeito de mpe_l na realidade foi atribuído ao ambiente permanente da própria vaca (pe_l), pois o banco de dados contém medidas repetidas para PVD e CCVD, sendo que a cada ano são realizadas novas pesagens e avaliações das vacas que compõe os plantéis das propriedades inseridas no PampaPlus.

Para a análise dos escores visuais não foi incluído no modelo o efeito m_l , e o efeito de mpe_l só constou nas análises de MUSD, ESTD e ECD.

Esse mesmo modelo, de modo geral, pode ser descrito para todas as observações, em notação matricial, pela seguinte equação:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3mpe + e,$$

onde,

y é o vetor de observações;

β é o vetor de parâmetros dos efeitos sistemáticos, com matriz de incidência X ;

a é o vetor paramétrico dos efeitos genéticos aditivos diretos, com matriz de incidência Z_1 ;

m é o vetor paramétrico dos efeitos genéticos aditivos maternos, com matriz de incidência Z_2 ;

mpe é o vetor paramétrico dos efeitos de ambiente permanente materno, com matriz de incidência Z_3 ;

e é o vetor do erro.

Todos os componentes da equação acima tem dois subconjuntos de elementos referentes as duas características incluídas na análise, por exemplo, $y = [y_1 \ y_2]'$ onde y_1 é subconjunto de dados da característica 1 e y_2 é subconjunto de dados da característica 2, $a = [a_1 \ a_2]'$ onde a_1 é subconjunto de efeitos genéticos aditivos diretos da característica 1 e a_2 é o subconjunto dos mesmos efeitos para a característica 2, e assim por diante, como todos os efeitos e matrizes.

Na representação hierárquica deste modelo sob o enfoque bayesiano, o primeiro estágio do modelo é a distribuição condicional dos dados (y), representada pela seguinte distribuição normal multivariada:

$$y | \beta, a, m, mpe \sim N(X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3mpe, R),$$

em que, $R = \begin{bmatrix} \sigma_{e1}^2 & \sigma_{e1e2} \\ \sigma_{e2e1} & \sigma_{e2}^2 \end{bmatrix} \otimes I$, R é a matriz de covariância residual, onde σ_{e1}^2 (σ_{e2}^2) é a variância residual para a característica 1 (2) e $\sigma_{e1e2} = \sigma_{e2e1}$ é a covariância residual entre as características 1 e 2.

No 2º estágio, especificamos as *prioris* para os parâmetros definidos no primeiro estágio, isto é:

$$\beta | \beta_o, \mathbf{V}_\beta \sim N(\beta_o, \mathbf{V}_\beta),$$

em que, β_o é a média *a priori* baseada no conhecimento prévio sobre os parâmetros em β e \mathbf{V}_β é a variância dessas médias, que é proporcional a segurança que se tem no conhecimento prévio. No presente estudo foi assumido que $\mathbf{V}_\beta \rightarrow \infty$, de forma que toda a inferência foi derivada dos dados.

Para os efeitos genéticos, temos que:

$$\begin{bmatrix} a \\ m \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ m_1 \\ m_2 \end{bmatrix} \sim N \left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \sigma_{a1}^2 & \sigma_{a1a2} & \sigma_{a1m1} & \sigma_{a1m2} \\ \sigma_{a2a1} & \sigma_{a2}^2 & \sigma_{a2m1} & \sigma_{a2m2} \\ \sigma_{m1a1} & \sigma_{m1a2} & \sigma_{m1}^2 & \sigma_{m1m2} \\ \sigma_{m2a1} & \sigma_{m2a2} & \sigma_{m2m1} & \sigma_{m2}^2 \end{bmatrix} \otimes A \right).$$

Essa especificação conjunta para os efeitos genéticos aditivos (a) e maternos (m) é dita estrutural, pois A é uma matriz de correlações, a matriz do numerador do parentesco, pela qual modelamos o processo mendeliano de herança aditiva com uma estrutura conhecida formada a partir do pedigree e variâncias s_{ij}^2 e s_{ijkl} covariâncias desconhecidas para efeitos genéticos aditivos ($i=a, m$) das duas características ($j=1,2$).

Para os efeitos de ambiente permanente materno, temos que:

$$[mpe] = \begin{bmatrix} mpe_1 \\ mpe_2 \end{bmatrix} \sim N\left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \sigma_{mpe1}^2 & \sigma_{mpe1mpe2} \\ \sigma_{mpe1mpe2} & \sigma_{mpe2}^2 \end{bmatrix} \otimes I\right)$$

Essa especificação para os efeitos não genéticos de ambiente permanente materno (mpe) também é estrutural, em que I é uma matriz identidade, diagonal, σ_{mpe1}^2 (σ_{mpe2}^2) é a variância de ambiente permanente materno para a característica 1 (2) e $\sigma_{mpe1mpe2} = \sigma_{mpe2mpe1}$ é a covariância de ambiente permanente materno entre as características 1 e 2.

Uma vez que os componentes de variância são desconhecidos, um terceiro estágio para especificar as distribuições *a priori*, neste caso Wishart invertidas (W^{-1}), se faz necessário.

Para a matriz de componentes de variância residual (R_o), temos:

$$R_o = \begin{bmatrix} \sigma_{e1}^2 & \sigma_{e1e2} \\ \sigma_{e2e1} & \sigma_{e2}^2 \end{bmatrix} \sim W_2^{-1}(\mathbf{T}_e, v_e),$$

isto é, uma priori conjugada Wishart invertida para R_o , com v_e graus de liberdade (ou confiança) e matriz escalar \mathbf{T}_e , representando os valores prévios dos parâmetros em R_o .

Para a matriz de componentes de variância genéticos (G_o), temos:

$$G_o = \begin{bmatrix} \sigma_{al}^2 & \sigma_{alaz} & \sigma_{alm1} & \sigma_{alm2} \\ \sigma_{a2al} & \sigma_{a2}^2 & \sigma_{a2ml1} & \sigma_{a2ml2} \\ \sigma_{alm1} & \sigma_{a2ml1} & \sigma_{ml1}^2 & \sigma_{ml1ml2} \\ \sigma_{alm2} & \sigma_{a2ml2} & \sigma_{ml2ml1} & \sigma_{ml2}^2 \end{bmatrix} \sim W_4^{-1}(\mathbf{T}_{am}, v_{am})$$

isto é, uma priori conjugada Wishart invertida para G_o , com v_{am} graus de liberdade (ou confiança) e matriz escalar \mathbf{T}_{am} , representando os valores prévios dos parâmetros em G_o .

Para a matriz de componentes de variância de ambiente permanente da materno (P_o), temos:

$$P_o = \begin{bmatrix} \sigma_{mpe1}^2 & \sigma_{mpe1mpe2} \\ \sigma_{mpe2mpe1} & \sigma_{mpe2}^2 \end{bmatrix} \sim W_2^{-1}(\mathbf{T}_{mpe}, v_{mpe})$$

isto é, uma priori conjugada Wishart invertida para P_o , com v_{mpe} graus de liberdade (ou confiança) e matriz escalar \mathbf{T}_{mpe} , representando os valores prévios dos parâmetros em P_o .

Para a análise das amostras salvas foi utilizado o programa SAS 9.3 (SAS, 2010), onde foram calculados valores de médias, desvio padrão, modas e intervalo de probabilidade de 95% *a posteriori*, através das densidades marginais de distribuição *a posteriori* de cada componente.

Para testar a convergência das cadeias, foram adotados os procedimentos descritos em Cardoso (2008), gerando gráficos de traço para todos os componentes de (co) variância versus o ciclo, verificando o cruzamento da cadeia sobre a linha da média por mais de duas vezes no período de *burn-in*, sendo observado que após esse período as amostras variaram sobre a linha da média, sem tendência.

Para o cálculo das herdabilidades diretas (h^2) e maternas (h^2_m) foram usados os valores de médias *a posteriori* estimadas para os componentes de (co) variância, seguindo as seguinte razões,

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{am}^2 + \sigma_{mpe}^2 + \sigma_e^2} \quad \text{e} \quad h^2_m = \frac{\sigma_m^2}{\sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{am}^2 + \sigma_{mpe}^2 + \sigma_e^2},$$

em que,

σ_a^2 é a variância genética aditiva direta;

σ_m^2 é a variância genética aditiva materna;

σ_{am}^2 é a covariância genética entre efeitos aditivos direto e materno;

σ_{mpe}^2 é a variância de ambiente permanente materno;

σ_e^2 é a variância residual.

Para o cálculo das correlações genéticas entre os efeitos genéticos aditivos diretos, e efeitos genéticos aditivos diretos \times efeitos genéticos aditivos maternos foram usados os valores de médias *a posteriori* estimados para os componentes de (co) variância, seguindo a seguinte razão,

$$r_{G_{xy}} = \frac{(\sigma_{a_{xy}})}{\sqrt{\sigma_{a_x}^2 + \sigma_{a_y}^2}},$$

em que,

$r_{G_{xy}}$ é a correlação genética entre as variâncias x e y;

$\sigma_{a_{xy}}$ é a covariância genética aditiva existente entre x e y;

$\sigma_{a_x}^2$, $\sigma_{a_y}^2$ são as variâncias genéticas aditivas de x e y.

3.6. Tendências genéticas

Para estimar o progresso genético observado na população avaliada pelo PampaPlus, em razão da utilização dos dados gerados para seleção dos animais, foram calculadas as tendências genéticas para as características, as quais o programa gera DEPs.

Para o cálculo das tendências genéticas foram utilizadas as médias *a posteriori* das soluções para os valores genéticos (VGs), por ano de nascimento dos animais através de regressão linear,

$$y_i = a + bx_i + e_i,$$

em que,

y_i é a média das VGs dos animais nascidos no i ésimo ano;

a é o intercepto;

b é o coeficiente de regressão linear da média das VGs;

x_i é o i ésimo ano de nascimento;

e_i é o erro aleatório associado a regressão.

Foram gerados gráficos de tendências para o índice de qualificação genética (IQG), descrito pela seguinte ponderação de valores,

$$IQG = \left(\left(\frac{0,30}{\sigma_{TMD}} \right) \times DEP_{TMD} \right) + \left(\left(\frac{0,15}{\sigma_{PS550}} \right) \times DEP_{PS550} \right) + \left(\left(\frac{0,15}{\sigma_{GPD345}} \right) \times DEP_{GPD345} \right) + \left(\left(\frac{0,15}{\sigma_{PES}} \right) \times DEP_{PES} \right) + \left(\left(\frac{0,125}{\sigma_{MUS}} \right) \times DEP_{MUS} \right) - \left(\left(\frac{0,125}{\sigma_{EST}} \right) \times ABS(DEP_{EST}) \right) ,$$

em que,

os valores ponderais 0,30; 0,15 e 0,125, correspondem a importância relativa de 30%, 15% e 12,5%, respectivamente, atribuída a cada característica na formação do IQG;

DEP = foram obtidas pela metade das médias *a posteriori* das soluções para VGs de cada característica;

σ = corresponde ao desvio padrão da variância de cada característica, calculado através da raiz quadrada da média da distribuição *a posteriori* de cada componente de variância;

TMD = corresponde ao total materno a desmama, calculado pela soma da metade da DEP direta do PD205 com a DEP materna a desmama (PDm);

σ_{TMD} = desvio padrão da variância do TMD, é a metade da raiz quadrada da média *a posteriori* da variância direta do PD205 somada a raiz quadrada da média *a posteriori* da variância materna do PD205;

DEP_{PS550} = corresponde a DEP direta para o PS550;

σ_{PS550} = desvio padrão da variância do PS550, é a raiz quadrada da média *a posteriori* da variância direta do PS550;

DEP_{PES} = corresponde DEP direta para PES;

σ_{PES} = desvio padrão da variância da PES, é a raiz quadrada da média *a posteriori* da variância direta do PES;

DEP_{GPD345} = corresponde a DEP direta para GPD345;

σ_{GPD345} = desvio padrão da variância do GPD345, é a raiz quadrada da média *a posteriori* da variância direta do GPD345;

DEP_{MUS} = corresponde a DEP para MUS;

σ_{MUS} = desvio padrão da variância da MUS, é a raiz quadrada da média *a posteriori* da variância direta da MUS;

DEP_{EST} = corresponde a DEP para EST;

σ_{EST} = desvio padrão da variância da EST, é a raiz quadrada da média *a posteriori* da variância direta do EST, e

ABS = referente a correção realizada para o valor absoluto da DEP_{EST} , onde os valores negativos tornam-se positivos. Note-se que o valor ponderado da DEP_{EST} é o único subtraído no cálculo do IQG, pois ao utilizar esta correção para o valor absoluto, penaliza-se os animais que tenham VGs extremamente baixos ou extremamente altos, na tentativa de manter o escore de EST de forma moderada na população.

Após a formação do IQG de cada animal, esses índices foram ajustados para valores de desvio padrão da distribuição de *Gauss* com $\mu = 0$ e $\sigma^2 = 1$,

$$IQG_{padronizado} = \frac{(IQG_{calculado} - \mu_{IQG_{calculado}})}{\sigma_{IQG_{calculado}}},$$

em que,

$IQG_{padronizado}$ = é o IQG, de cada animal, ajustado para valores de desvio padrão distribuição de *Gauss*;

$IQG_{calculado}$ = é o IQG, de cada animal, calculado na ponderação de valores detalhada anteriormente;

$\mu_{IQG_{calculado}}$ = é a média dos IQGs calculados de todos os animais;

$\sigma_{IQG_{calculado}}$ = é o desvio padrão associado a média dos IQGs calculados de todos os animais.

Para fins de síntese e padronização de abreviatura o $IQG_{padronizado}$ continuará sendo tratado somente pela sigla IQG.

Além disso foram verificadas as tendências individuais para as seguintes características: PD205, PDm, TMD, PS550, GPD345, PES, PVD, CCVD, MUS, EST, ECS e TUS.

3.7. Ganhos genéticos (ΔG)

Baseado em índices produtivos de quatro propriedades participantes do PampaPlus, foi considerado um rebanho de 504 matrizes, com uma taxa de reposição anual de 20%, relação de 1 touro para 28 vacas e taxa de desmame de 78,1%, desmamando anualmente 197 machos e 197 fêmeas.

Considerando a taxa de reposição anual das matrizes, seriam necessárias 101 bezerras para substituir as vacas descartadas em uma proporção (p) de animais selecionados de 51,27%. Para reposição anual de touros seriam necessários 4 animais em uma proporção (p) de selecionados de 2,03%. O intervalo de geração (IG) médio calculado foi de 5 anos.

Os ganhos genéticos esperados, utilizando os componentes de (co) variância estimados via inferência bayesiana foram calculados através da equação,

$$\Delta G = h^2 \times S,$$

onde,

ΔG é o ganho genético esperado por geração;

h^2 é a herdabilidade para a característica;

S é o diferencial de seleção, neste caso,

$$S = \frac{1}{2} (S_m + S_f),$$

sendo que,

S_m é o diferencial de seleção para machos;

S_f é o diferencial de seleção para fêmeas, com

$S_m = i_m \times \sigma_p$ e $S_f = i_f \times \sigma_p$, em que:

σ_p é o desvio padrão fenotípico;

i_m e i_f representam as intensidades de seleção para machos e fêmeas

respectivamente, obtidas a partir de,

$$i = \frac{z}{p}, \text{ em que,}$$

i é a intensidade de seleção;

p é a proporção de animais selecionados;

z é a altura da curva de Gauss no ponto de truncamento.

4. Resultado e discussão

A análise das distribuições *a posteriori* geradas através da Amostragem de Gibbs possibilitaram inferências sobre médias, modas, medianas e intervalos de probabilidade de 95% dos parâmetros de interesse no modelo, de acordo com as propriedades da inferência bayesiana relatadas por Gianola e Fernando (1986); Tempelman (1998); Blasco (2001); Cardoso e Tempelman (2004).

Os gráficos de traço observados para as cadeias de PES e TU indicaram a necessidade de aumentar o período de aquecimento para essas características, sendo utilizados 150.000 ciclos de *burn-in*, como período para atingir a convergência para a distribuição de equilíbrio.

Após este passo foram calculadas correlações de Pearson entre as amostras dos diferentes componentes de (co) variância e as auto correlação referentes aos diferentes atrasos, 1, 10 e 100 entre amostras de um mesmo componente de (co) variância, onde as auto correlações de atraso 100 para todos os componentes de (co) variância apresentaram-se ao redor de zero (entre -0,05 e 0,18), demonstrando já não haver mais interdependência nas amostras conforme o exemplo para PD205 na figura 4.1.

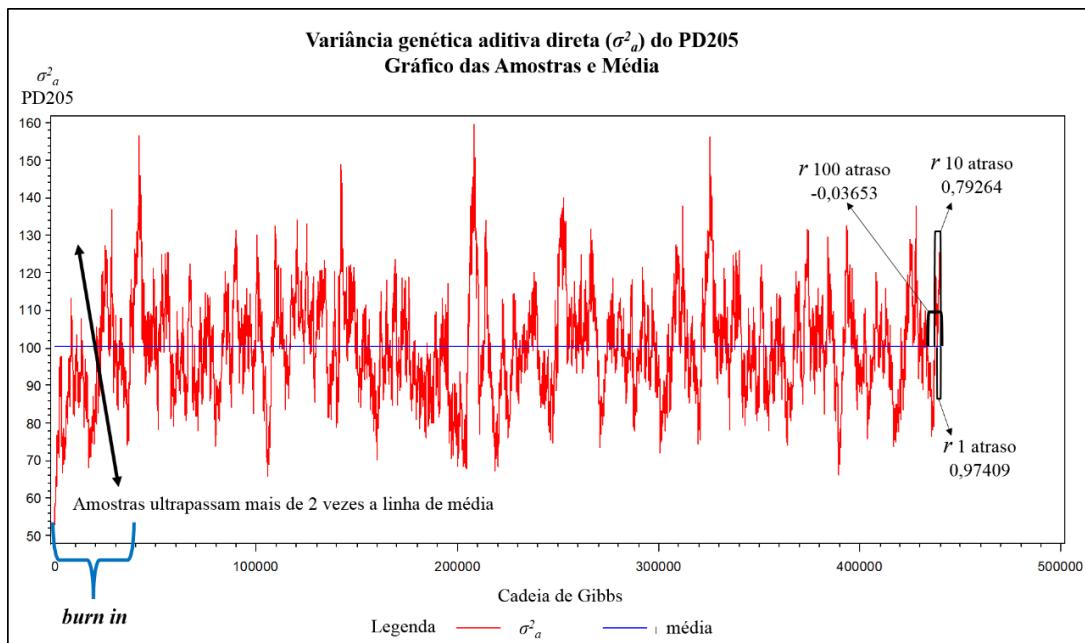


Figura 4.1 – Gráfico de traço exemplificando a análise de convergência.

As herdabilidades diretas para as características foram obtidas a partir das distribuições *a posteriori* dessas herdabilidades calculadas a cada ciclo usando as amostras

dos componentes de (co) variância conforme as equações comumente utilizadas em estudos de genética quantitativa animal (KOCH et al., 1995; CARDOSO et al., 2001; e TORAL et al., 2007). As correlações genéticas, calculadas confirme metodologia expressa por Cardellino e Rovira (1987), derivando suas distribuições *a posteriori* a partir de funções das amostras dos componentes de (co) variância a cada ciclo de Gibbs.

4.1. Componentes de (co) variância e parâmetros genéticos

De modo geral os valores *a posteriori* gerados para componentes de (co) variância foram inferiores aos valores médios entre descritos pela literatura, porém encontraram-se muito próximos aos valores encontrados por De Mattos et al. (2000) e por Cardoso e Tempelman (2004), para raças Hereford e Braford, os valores para as médias *a posteriori* (MDP), desvio-padrão *a posteriori* (DPP), modas *a posteriori* (MOP), intervalo de 95% de probabilidade *a posteriori* (95% IPP) são apresentados na tabela 4.1. A proximidade com os valores relatados por Cardoso e Tempelman (2004), torna-se importante por dois fatores, os componentes de (co) variância foram estimados por inferência bayesiana (IB), e a população de estudo faz parte do programa da Conexão Delta G, onde a maior parte dos animais puros Hereford e de graus de sangue avançados do Braford, são criados no Rio Grande do Sul, em sistema de produção muito semelhantes ao dos rebanhos do PampaPlus e com muitos touros pais em comum aos dois programas.

Os valores para PD205 (Tabela 4.1) corroboram com Cundiff et al. (1975) e Meyer (1993b), indicando que os efeitos diretos para esta característica são moderadamente herdáveis, principalmente em dados de campo onde se tem uma variabilidade muito grande dos efeitos ambientais. A variância genética aditiva direta (σ_a^2) do PD205 descrita por Reyes et al. (2006), em bovinos Hereford × Nelore, não diferiu da encontrada no presente estudo, porém com valores maiores para h^2 direta, demonstrando que valores maiores de h^2 podem ser encontrados para a população assistida pelo PampaPlus ao diminuir e/ou controlar as influências não genéticas que afetam esta característica. Da mesma maneira acontece com o GPD345 ao comparar com os resultados encontrados por Cardoso e Tempelman (2004), seus valores para σ_a^2 foram menores que os descritos neste trabalho, porém a variância residual (σ_e^2) associada a esta características foi praticamente oito vezes maior que a que os autores descreveram, levando a crer que as populações estudadas tem composição genética aditiva semelhante porém com grande diferença quanto ao controle das influências ambientais.

O desvio padrão *a posteriori* associado a σ_a^2 do GPD345 (Tabela 4.1) foram maiores que os descritos por Cardoso e Tempelman (2004), podendo ser associado ao maior número de gerações no trabalho destes autores, lembrando que o PampaPlus começou em 2008, sendo que no ano de 2012 foram desmamados os primeiros produtos de animais avaliados pelo PampaPlus.

Oliveira et al. (2010) ao caracterizar o rebanho de formação da raça Brangus – Ibagé da Embrapa Pecuária Sul utilizando inferência bayesiana, descrevem números inferiores para a variância ambiental para o GPD345. Esses autores utilizaram dados coletados dentro do centro de pesquisa do primeiro rebanho Brangus do Brasil onde os animais deviam ter condições mais controladas na fase de recria, por se tratar de um trabalho com foco de formar uma nova raça.

Os valores médios de h^2 para PS550 (Tabela 4.1) foram similares aos encontrados por Ferraz Filho et al. (2002), em animais Tabapuã, porém foram bem menores que os descritos na revisão realizada por Koots et al. (1994a), aos de Gianotti et al. (2005), Garnero et al. (2002), Marcondes et al. (2002) e Siqueira et al. (2003) e aos de Koury Filho et al. (2009) estudando o gado Nelore. A σ_a^2 para esta característica descrita por Koury Filho et al. (2009) foi um pouco superior, mas encontra-se dentro do intervalo de probabilidade *a posteriori* estimado neste estudo (Tabela 4.1), já a σ_e^2 foi praticamente o dobro nesse estudo comparada com a relatada pelos referidos autores, evidenciando a influência importante de fatores não controlados dos ambientes de criação nos rebanhos do PampaPlus. Os valores encontrados de variância genética aditiva materna (σ_m^2) e de variância de ambiente permanente materno (σ_{mpe}^2) para o PS550 demonstram que existem efeitos genéticos materno e de ambiente permanente materno que influenciam o peso ao sobreano, dado que parte do desempenho nessa fase é devido ao seu desempenho durante o período que os (as) bezerros (as) estão ao pé da mãe, podendo ser tratado como um efeito residual da fase pré desmama.

Tabela 4.1 – Médias *a posteriori* (MDP), desvio-padrão *a posteriori* (DPP), modas *a posteriori* (MOP), intervalo de 95% de probabilidade *a posteriori* (95% IPP), para os componentes de (co) variância e herdabilidades direta (h^2) e materna (h^2_m) das características objetivas das raças Hereford e Braford estimados via inferência bayesiana.

Caract.	Componentes de (co) variância e herdabilidades das características objetivas						
	σ_a^2	σ_m^2	σ_{am}	$\sigma_{mpe}^2 / \sigma_{pe}^2$ *	σ_e^2	h^2	h^2_m
PN	MDP	2,53	1,18	-0,61	0,88	14,06	0,14
	DPP	0,34	0,35	0,27	0,24	0,27	0,02
	MOP	2,55	1,06	-0,59	0,93	14,08	0,14
	95%IPP	1,91 a 3,25	0,58 a 1,90	-1,17 a -0,14	0,48 a 1,39	13,53 a 14,58	0,11 a 0,18
PD205	MDP	100,544	68,484	-49,916	100,456	564,78	0,13
	DPP	13,376	14,126	13,032	8,906	9,918	0,02
	MOP	98,708	64,662	-49	100,674	566,05	0,12
	95%IPP	76,48 a 129,41	43,71 a 97,72	-76,27 a -26,13	82,82 a 117,47	544,65 a 583,60	0,10 a 0,16
PS550	MDP	184,78	68,72	-32,62	67,55	1094,2	0,13
	DPP	27,92	15,77	17,18	9,17	23,55	0,02
	MOP	184,28	66,72	-27,58	64,72	1095,41	0,13
	95%IPP	132,98 a 243,10	43,07 a 106,75	-71,58 a -3,16	51,97 a 87,60	1046,51 a 1138,89	0,10 a 0,17
GPD345	MDP	112,49	858,56	0,12
	DPP	33,93	30,24	0,03
	MOP	95,06	861,42	0,1
	95%IPP	56,69 a 187,29	797,29 a 915,26	0,06 a 0,19
PES	MDP	1,58	4,38	0,26
	DPP	0,51	0,51	0,08
	MOP	1,56	4,35	0,26
	95%IPP	0,69 a 2,70	3,42 a 5,38	0,12 a 0,43
PWD	MDP	537,3	773,29	1714,61	0,18
	DPP	76,69	79,73	33,77	0,02
	MOP	523,21	789,74	1712,76	0,17
	95%IPP	403,16 a 705,26	610,39 a 919,92	1649,45 a 1782,05	0,13 a 0,23

σ_a^2 = variância genética aditiva direta; σ_m^2 = variância genética aditiva materna; σ_{am} = covariância genética aditiva direta \times materna; σ_{mpe}^2 = variância de ambiente permanente materno; σ_e^2 = variância residual; h^2 = herdabilidade aditiva direta; h^2_m = herdabilidade aditiva materna.

PN = peso ao nascer; PD205 = peso ao desmame ajustado aos 205 dias de idade; PS550 = Peso ajustado aos 550 dias de idade; GPD345 = ganho pós desmame ajustado para 345 dias; PES = perímetro escrotal ao sobreano; PVD = peso da vaca ao desmame.

* σ_{pe}^2 = variância de ambiente permanente, utilizada na análise do PVD.

De um modo geral, as baixas h^2 para as características ponderais no presente estudo indicam que os valores fenotípicos individuais não são bons indicativos dos valores genéticos aditivos diretos dos animais, necessitando-se complementar as informações próprias com desempenho de parentes e progênie para possibilitar maiores ganhos genéticos ao selecionar-se para estas características.

Os componentes de (co) variância estimados para PES (tabela 4.1), foram inferiores aos encontrados por Bourdon e Brinks (1986) e Evans et al. (1999) na raça Hereford; aos de Koots et al. (1994a); e aos de Yokoo et al. (2007) e Dias et al. (2003) na raça Nelore, sendo similares aos encontrados por Davis et al. (1993).

A h^2 para PES foi superior a relatada por Everling et al. (2001) em animais cruzados Angus × Nelore, e demonstrou-se similar aos valores estimados em dados experimentais relatados por Vargas et al. (1998).

Os resultados demonstram que existe variabilidade genética para PES passível de seleção, com valores medianos de h^2 . Os valores superiores de σ_e^2 , em comparação a outros trabalhos pode evidenciar inconsistências relacionadas a coleta ou digitação dos dados.

Diversos autores relataram a existência de correlação genética benéfica do PES com a precocidade sexual das fêmeas (BERGMANN 1993; SILVA et al., 2000; ELER et al., 2010), sendo um importante tema para futuros trabalhos relacionados às populações Hereford e Braford assistidas pelo PampaPlus.

As estimativas *a posteriori* de σ_a^2 para o PVD, foram inferiores as encontradas em animais adultos por Regatieri et al. (2012), e superiores aos descritos por Mercadante et al. (2004), em fêmeas na entrada da estação de monta. Porém os valores de h^2 ficaram abaixo dos registrados por Boligon et al. (2009); Regatieri et al. (2012); Mercadante et al. (2004), o que é explicado pela grande superioridade da σ_e^2 encontrada no presente trabalho ao comparar com esses autores. Desse modo um maior controle dos efeitos ambientais podem aumentar estes valores de h^2 , outro aspecto importante é que no presente estudo os pesos das matrizes foram coletados na época da desmama de seus filhos, onde diversos fatores não genéticos estão atuando, como prenhez e espoliação devido à amamentação de seus produtos.

O banco de dados apresenta medidas repetidas para PVD, pois todo ano é realizada novas pesagens das vacas ao desmame de suas crias, de maneira que os valores atribuídos a

σ_{pe}^2 do PVD (Tabela 4.1), na realidade refere-se ao seu próprio ambiente permanente, e apresentaram valores superiores aos da σ_a^2 relacionada a esta característica.

As características que apresentaram maiores valores de r_G foram o PD205 e PS550 (Tabela 4.2), ao redor de 80%, superiores aos encontrados por Silva et al. (2012), demonstrando que a seleção direta para qualquer destes caracteres tendem a aumentar o desempenho do outro, por meio de resposta correlacionada. Assim os reprodutores que produzem bezerros (as) são mais pesados na sua desmama, são também, em geral, os que transmitem maiores pesos ao sobreano e, assim, a utilização conjunta dessas características em índices de seleção tende a aumentar a frequência dos genes favoráveis a essa duas características.

Tabela 4.2 – Médias *a posteriori* (MDP), desvio-padrão *a posteriori* (DPP), modas *a posteriori* (MOP), intervalo de 95% de probabilidade *a posteriori* (95% IPP), para correlações genéticas (r_G) entre as variâncias genéticas aditivas diretas, e variância genética aditiva direta \times materna das características objetivas das raças Hereford e Braford estimados via inferência bayesiana.

r_G	MDP	DPP	MOP	95%IPP
r_{am_PD205}	-0,598	0,094	-0,602	-0,761 a -0,394
$r_{aa_PD205 \times PN}$	0,263	0,099	0,282	0,052 a 0,445
r_{am_PN}	-0,350	0,119	-0,339	-0,553 a -0,091
$r_{aa_PD205 \times PS550}$	0,827	0,047	0,856	0,722 a 0,901
r_{am_PS550}	-0,281	0,123	-0,296	-0,519 a -0,034
$r_{aa_PD205 \times GPD345}$	0,371	0,197	0,487	-0,049 a 0,673
$r_{aa_PD205 \times PES}$	-0,071	0,247	-0,077	-0,536 a 0,381
$r_{aa_PD205 \times PVD}$	0,356	0,137	0,394	0,068 a 0,575
$r_{aa_PD205 \times CCVD^*}$	0,002	0,208	-0,089	-0,374 a 0,399

r_G = correlação genética; r_{am_PD205} = correlação genética entre efeito genético aditivo direto \times materno para peso ao desmame ajustado aos 205 dias de idade; $r_{aa_PD205 \times PN}$ = correlação genética entre peso ao desmame ajustado aos 205 dias de idade e peso ao nascer; r_{am_PN} = correlação genética entre efeito genético aditivo direto \times materno para peso ao nascer; $r_{aa_PD205 \times PS550}$ = correlação genética entre peso ao desmame ajustado aos 205 dias de idade e peso ao sobreano ajustado aos 550 dias de idade; r_{am_PS550} = correlação genética entre efeito genético aditivo direto \times materno para peso ao sobreano ajustado aos 550 dias de idade; $r_{aa_PD205 \times GPD345}$ = correlação genética entre peso ao desmame ajustado aos 205 dias de idade e ganho pós desmame ajustado para 345 dias; $r_{aa_PD205 \times PES}$ = correlação genética entre peso ao desmame ajustado aos 205 dias de idade e perímetro escrotal ao sobreano; $r_{aa_PD205 \times PVD}$ = correlação genética entre peso ao desmame ajustado aos 205 dias de idade e peso da vaca ao desmame; $r_{aa_PD205 \times CCVD}$ = correlação genética entre peso ao desmame ajustado aos 205 dias de idade e a condição corporal da vaca ao desmame.

*Escore visual de CCVD consta na tabela por ter sido analisado em arquivo bicaracter com PD205.

Existe correlação genética média - baixa entre o PD205 e o PN, similar as encontradas por Silva et al. (2012), embora ainda significativa, pois o intervalo de probabilidade de 95% *a posteriori* não incluiu zero. Essa dependência moderada entre PN e PD205, facilita o controle no aumento de PN enquanto selecionando por alto PD205, pelo monitoramento das médias fenotípicas de PN no decorrer dos anos e descarte de animais com valores genéticos extremamente positivos ao nascer, assim evitando possíveis problemas futuros de distocia.

Todas as r_{am} estimadas no trabalho foram negativas (Tabela 4.2), demonstrando os efeitos genéticos aditivos maternos são antagônicos aos efeitos genéticos aditivos diretos. Os valores foram menos negativos que os encontrados por Snelling et al. (1996) para o Hereford, e os de Reyes et al. (2006), em animais Hereford, Braford e Nelore, e se mostraram mais negativos aos descritos por De Mattos et al. (2000), onde foram estudados animais Hereford do Uruguai, Canadá e USA. Por outro lado, Meyer (1997) descreve valores próximos a zero para r_{am} do PD205 de animais Hereford na Austrália.

A seleção para o PD205, tende a diminuir a habilidade materna da vaca, mas cabe ressaltar que vacas de corte muito leiteiras podem ser mais onerosas. Azambuja (2013) avaliando a produção de leite de vacas puras e cruzadas, envolvendo as raças Hereford, Angus, Nelore e Caracu através de ordenha mecânica, e método indireto de pesagem antes e depois da mamada dos bezerros, descrevem as vacas Hereford como sendo as que produzem menor quantidade de leite por dia, porém os valores de peso ao desmame de seus filhos não diferiram quando comparados aos filhos das vacas de outras raças, de maneira que a busca por animais com maiores níveis de habilidade materna deve procurar um equilíbrio com animais que produzam a quantidade de leite necessária para prover o bezerro e que transmitam a capacidade genética aditiva direta de ganho na fase pré desmama.

Os valores de r_{am} para o PD205 demonstram que para efetuar seleção conjunta para PD205 aditivo direto e para PD205 aditivo materno (habilidade materna), deve-se combinar estas duas características em um índice de seleção, onde serão classificados os animais com a probabilidade de ter menores frequências de genes que agem antagonizando as duas características. Isto é realizado atualmente considerando o total materno ao desmame (TMD) no índice de seleção do PampaPlus. (CARDOSO & LOPA, 2013).

Os valores negativos encontrados para r_{am} ao PS550 (Tabela 4.2), em menor magnitude que para PD205, podem ser associados ao efeito residual do PD205 no PS550.

Segundo Silva et al. (2012), existe r_G entre o PD205 e PES na raça Brangus, o que difere do observado neste estudo, onde o valor médio foi próximo de zero e os intervalos de probabilidade de 95% *a posteriori* (Tabela 4.2) demostram que a densidade marginal das amostras variaram entre valores positivos e negativos, indicando que esta correlação não é significativa. Por outro lado, na raça Nelore foi encontrada r_G entre PES e peso ajustado aos 120 dias de idade. (YOKOO et al., 2007).

A ausência de correlação genética entre PD205 e PES (Tabela 4.2), descrita neste trabalho, demonstra que não haverá resposta correlacionada da seleção direta em uma das características sobre a outra.

Os valores *a posteriori* das médias e modas descritos na tabela 4.2 para a r_G entre GPD345 e PD205, foram positivos, porém o intervalo de credibilidade descreve valores positivos e negativos, demonstrando que esta correlação não é significativa na população de estudo.

A r_G entre PD205 e PVD foram similares aos encontrados por Boligon et al. (2009), demonstrando que a seleção para uma destas características influencia o aumento da outra.

As estimativas posteriores da h^2 dos escores visuais (Tabela 4.3) ao sobreano foram superiores às da desmama, o que indica que, para a mesma intensidade de seleção, a resposta à seleção individual destas na fase pós desmama deve ser superior.

Utilizando inferência bayesiana, Magalhães et al. (2012) encontraram valores médios superiores de h^2 para musculatura ao desmame na raça Braford. Para musculatura ao sobreano os valores de h^2 , no presente estudo, foram similares aos descritos por Gordo et al. (2012) na raça Hereford e aos de Costa et al. (2008) na raça Brangus.

Melhor resposta genética direta na população do presente estudo, deve ocorrer para o escore de musculatura ao selecionar os animais ao sobreano (Tabela 4.3).

Tabela 4.3 – Médias *a posteriori* (MDP), desvio-padrão *a posteriori* (DPP), modas *a posteriori* (MOP), intervalo de 95% de probabilidade *a posteriori* (95% IPP), para os componentes de (co) variância e herdabilidades (h^2) das características de escores visuais das raças Hereford e Braford estimados via inferência bayesiana.

Caract.	Componentes de (co) variância e herdabilidades dos escores visuais			
	σ_a^2	$\sigma_{mpe}^2 / \sigma_{pe}^2$ *	σ_e^2	h^2
MUSD	MDP	0,06	0,17	0,67
	DPP	0,01	0,01	0,01
	MOP	0,06	0,17	0,67
	95%IPP	0,05 a 0,08	0,16 a 0,18	0,65 a 0,68
MUSS	MDP	0,13	...	0,56
	DPP	0,03	...	0,02
	MOP	0,11	...	0,56
	95%IPP	0,07 a 0,19	...	0,51 a 0,61
ESTD	MDP	0,07	0,09	0,57
	DPP	0,01	0,01	0,01
	MOP	0,07	0,09	0,57
	95%IPP	0,05 a 0,10	0,08 a 0,10	0,55 a 0,59
ESTS	MDP	0,07	...	0,57
	DPP	0,02	...	0,02
	MOP	0,06	...	0,57
	95%IPP	0,04 a 0,10	...	0,53 a 0,60
ECD	MDP	0,03	0,04	0,68
	DPP	0,01	0,01	0,01
	MOP	0,03	0,03	0,68
	95%IPP	0,02 a 0,05	0,02 a 0,06	0,65 a 0,70
ECS	MDP	0,1	...	0,59
	DPP	0,03	...	0,02
	MOP	0,1	...	0,59
	95%IPP	0,06 a 0,15	...	0,55 a 0,63
TUD	MDP	0,02	...	0,25
	DPP	0,01	...	0,01
	MOP	0,02	...	0,25
	95%IPP	0,02 a 0,03	...	0,24 a 0,25
TUS	MDP	0,03	...	0,21
	DPP	0,01	...	0,01
	MOP	0,03	...	0,21
	95%IPP	0,02 a 0,03	...	0,20 a 0,22
CCVD	MDP	0,04	0,04	0,33
	DPP	0,01	0,01	0,01
	MOP	0,04	0,04	0,33
	95%IPP	0,02 a 0,05	0,02 a 0,06	0,32 a 0,35

σ_a^2 = variância genética aditiva direta; σ_{mpe}^2 = variância de ambiente permanente materno; σ_e^2 = variância residual; h^2 =herdabilidade aditiva direta.

MUD= escore de musculatura ao desmame; MUS= escore de musculatura ao sobreano; ESTD= escore de estatura ao desmame; ESTS= escore de estatura ao sobreano; ECD= escore de estrutura corporal ao desmame; ECS= escore de estrutura corporal ao sobreano; TUD= escore de tamanho do umbigo ao desmame; TUS= escore de tamanho do umbigo ao sobreano; CCVD= escore de condição corporal da vaca ao desmame.

* σ_{pe}^2 = variância de ambiente permanente, utilizada na análise de CCVD.

Os valores apresentados para os escores de ESTD e ESTS, e de TUD e TUS (Tabela 4.3), demonstraram existir variabilidade genética passível de seleção, porém as h^2 para os dois momentos, desmame e sobreano, foram baixas e similares.

Faria et al. (2009), relatou valores superiores para h^2 de ECD e ECS, estudando bovinos da raça Nelore via inferência bayesiana, sendo os valores de ECS estimados neste estudo mais próximos aos encontrados por Koury Filho et al. (2009).

O ECD apresentou baixa h^2 e, em comparação com ECS, demonstra que maior resposta genética deve ser obtida ao selecionar os animais ao sobreano para este critério.

As r_G mostraram-se altamente positivas entre as avaliações de desmame e sobreano para cada escore (Tabela 4.4), então, devido à maior h^2 ao sobreano, deve-se preferir a seleção dos animais nesta fase.

Tabela 4.4 – Médias *a posteriori* (MDP), desvio-padrão *a posteriori* (DPP), modas *a posteriori* (MOP), intervalo de 95% de probabilidade *a posteriori* (95% IPP), para correlações genéticas (r_G) entre as variâncias genéticas aditivas diretas das características de escores visuais das raças Hereford e Braford estimados via inferência bayesiana.

r_G	MDP	DPP	MOP	95%IPP
$r_{aa_MUSD \times MUSS}$	0,773	0,065	0,820	0,618 a 0,870
$r_{aa_ESTD \times ESTS}$	0,945	0,032	0,964	0,850 a 0,977
$r_{aa_ECD \times ECS}$	0,995	0,005	0,998	0,981 a 0,999
$r_{aa_TUD \times TUS}$	0,941	0,019	0,947	0,894 a 0,970

$r_{aa_MUSD \times MUSS}$ = correlação genética entre escore de musculatura ao desmame e escore de musculatura ao sobreano; $r_{aa_ESTD \times ESTS}$ = correlação genética entre escore de estatura ao desmame e escore de estatura ao sobreano; $r_{aa_ECD \times ECS}$ = correlação genética entre escore de estrutura corporal ao desmame e escore de estrutura corporal ao sobreano; $r_{aa_TUD \times TUS}$ = correlação genética entre escore de tamanho do umbigo ao desmame e escore de tamanho do umbigo ao sobreano.

4.2. Tendências genéticas

Os gráficos de tendência demonstram que está ocorrendo ganho genético para a maior parte das características avaliadas no PampaPlus.

Para o IQG, a tendência mostrou-se positiva (Figura 4.2), apresentando um ganho anual de 0,1 desvio padrão (σ) mensurado pelo coeficiente linear, com valor de $P = 0,0002$, altamente significativa para o teste F, e sendo este valor ajustado para a distribuição normal corresponde a um ganho anual de 10% no valor genético agregado.

O gráfico de PN (Figura 4.3) demonstra que não há tendência de mudança nos valores genéticos do PN, o que é o objetivo do programa.

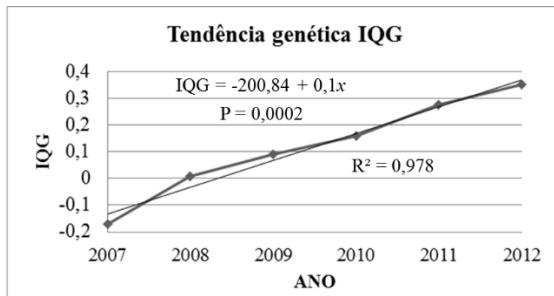


Figura 4.2 – Tendência genética para o índice de qualificação genética (IQG).

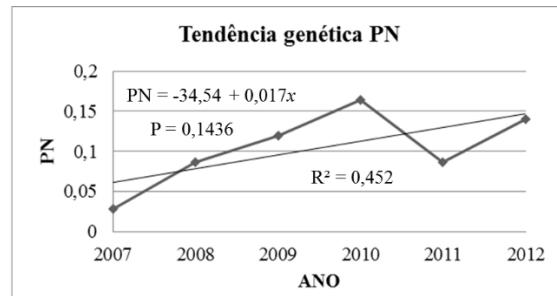


Figura 4.3 – Tendência genética para o peso ao nascer (PN).

O PD205 demonstra tendência positiva (Figura 4.4), apresentando um incremento anual de 243 gramas e valor significativo de P = 0,0124 para o teste F, evidenciando ganho genético causado pela seleção para esta característica. Este resultado pode estar relacionado a PD205 ser o caractere que apresenta o maior número de informações no programa, sendo que no ano de 2012 nasceu a primeira geração de bezerros (as), desmamados em 2013, filhos de touros e vacas que foram avaliados na desmama e sobreano pelo PampaPlus.

O coeficiente linear de -0,052 calculado para PDm (Figura 4.5) demonstra que há uma pequena diminuição do valor genético dos animais nesta característica, embora não significativa com valor de P = 0,4651.

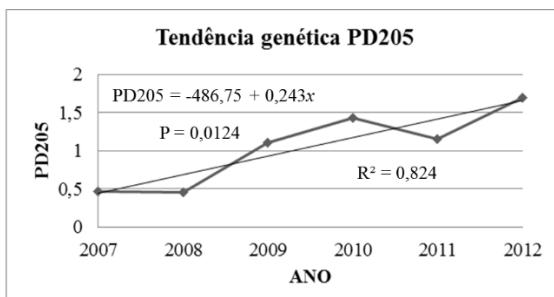


Figura 4.4 – Tendência genética para o peso ajustado aos 205 dias (PD205).

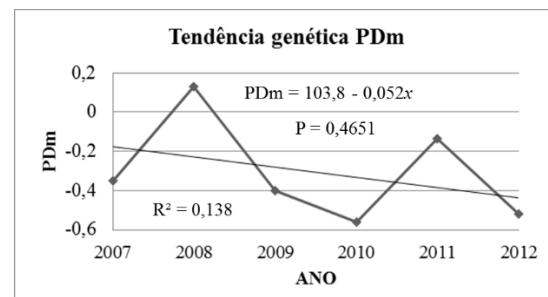


Figura 4.5 – Tendência genética para o peso ao desmame efeito materno (PDm).

Há manutenção relativamente estável do valor genético do TMD (Figura 4.6) expresso pelo coeficiente linear estimado de 0,07, com valor de P = 0,1595. O TMD é a característica que combina dentro do índice de seleção do programa os valores de PD205 e

de PDm e, comparando as figuras 4.4 e 4.5 com a figura 4.6, entende-se que o aumento do TMD é devido ao ganho existente para o valor genético direto à desmama.

O PS550 (Figura 4.7) também compõe o IQG, e está apresentando um incremento significativo, seu coeficiente linear foi de 0,398 com valor de $P = 0,0477$, correspondente a um ganho anual de praticamente 400 gramas.

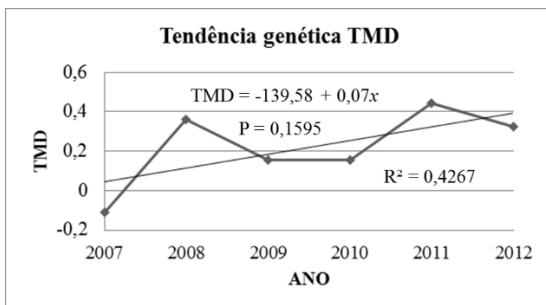


Figura 4.6 – Tendência genética para o total materno ao desmame (TMD).

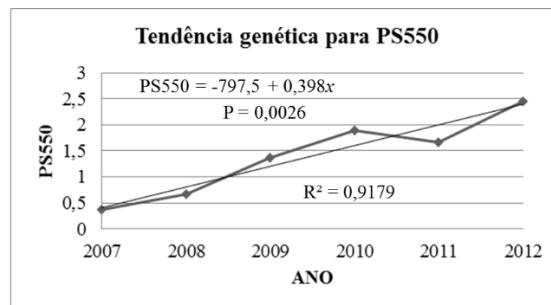


Figura 4.7 – Tendência genética para o peso ajustado aos 550 dias de idade (PS550).

Tendência genética positiva é apresentada para o GPD345 (Figura 4.8), seu coeficiente linear estimado foi de 0,156 e $P = 0,0005$, demonstrando incremento anual significativo.

Com coeficiente linear de -0,002 e valor de $P = 0,5771$, o PES (Figura 4.9) apresenta tendência levemente negativa, seu coeficiente linear refere-se a uma mudança anual inferior a 0,05 mm, de maneira que, mesmo sendo um caractere componente do IQG, não está ocorrendo a mudança desejada pelos criadores, ou seja, aumento do PES.

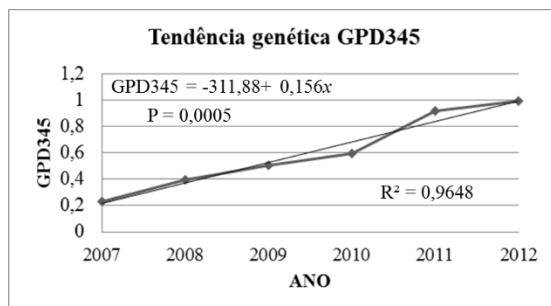


Figura 4.8 – Tendência genética para o ganho pós desmame ajustado aos 345 dias GPD345.

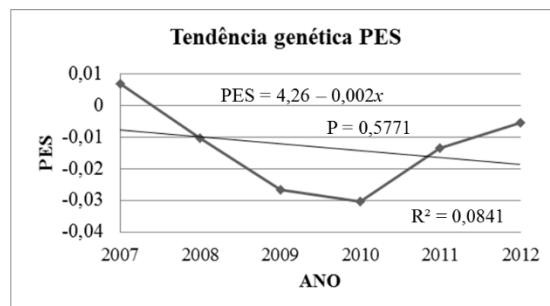


Figura 4.9 – Tendência genética para o perímetro escrotal ao sobreano (PES).

Para PVD (Figura 4.10) o coeficiente linear foi de 0,696 e o valor de $P = 0,1107$, de modo que, mesmo não sendo significativa, apresenta uma tendência positiva na faixa de 700 gramas por ano, devendo-se atentar para o possível aumento desta característica, pois,

sua inclusão na avaliação tem o intuito de controlar o tamanho das matrizes através da manutenção do peso médio adulto destas vacas.

Para CCVD (Figura 4.11) observa-se uma tendência praticamente estável com coeficiente linear de 0,0031 e valor de P = 0,2221.

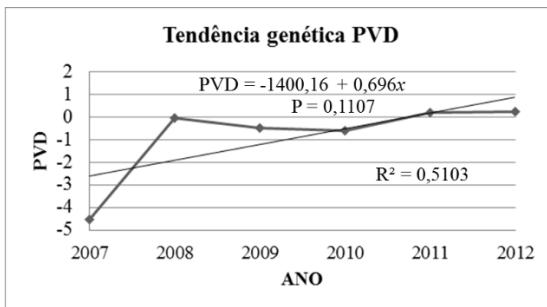


Figura 4.10 – Tendência genética para o peso da vaca ao desmame (PVD).

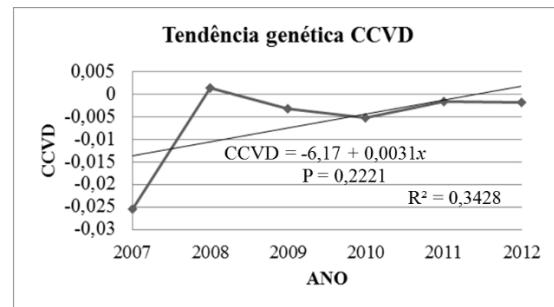


Figura 4.11 – Tendência genética para a condição corporal da vaca ao desmame (CCVD).

Está ocorrendo ganho genético para o escore de MUS (Figura 4.12), seu coeficiente linear foi de 0,009, com valor de P = 0,0121, o que é desejável para o programa. Já para o escore de EST (Figura 4.13) a tendência que se mostra significativa e positiva, com coeficiente linear de 0,0046 e o valor de P = 0,0309, não é o desejável, pois justamente esta característica compõe o IQG no intuito de penalizar animais extremos, muito grandes ou muito pequenos, procurando selecionar os animais de maior peso e ganho, mas mantendo o tamanho moderado.

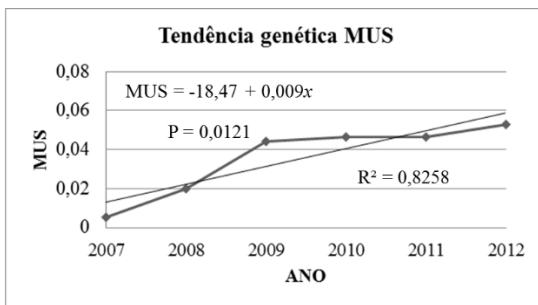


Figura 4.12 – Tendência genética para a musculatura (MUS).

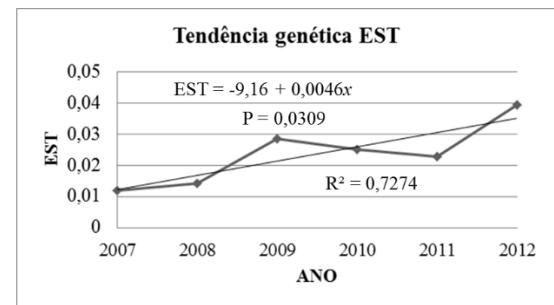


Figura 4.13 – Tendência genética para a estatura (EST).

Está ocorrendo ganho genético para ECS (Figura 4.14), sendo a coeficiente linear de 0,018 e o valor de P = 0,0097 para esta característica.

Tendência genética positiva e significativa foi observada para TUS (Figura 4.15). Entretanto, o coeficiente linear foi modesto com valor de 0,0046 e o valor de P = 0,0455. Para esta característica o aumento do valores das DEPs não é o alvo nas raças estudadas,

entretanto, por não estar contemplado no índice de seleção, a pressão de seleção neste caractere tende a ser muito pequena.

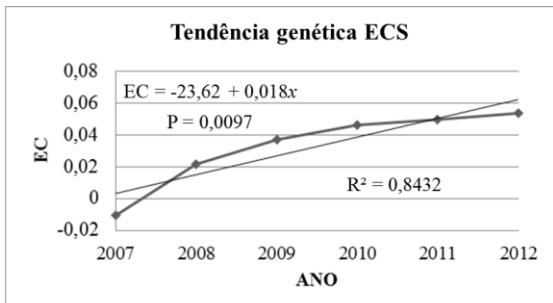


Figura 4.14 – Tendência genética para estrutura corporal (ECS).

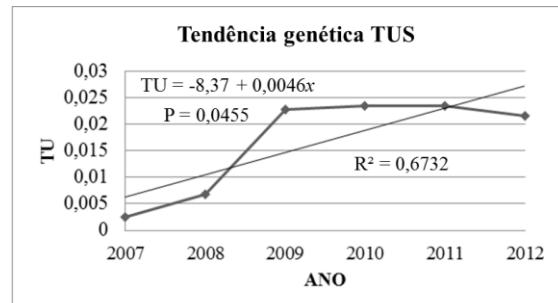


Figura 4.15 – Tendência genética para o tamanho de umbigo (TUS).

4.3. Ganhos Genéticos (ΔG)

Os valores apresentados na tabela 4.5 refletem valores esperados de ganhos genéticos para seleção individual de cada característica, portanto, indicam o potencial que pode ser atingido no progresso genético mediante a utilização dos valores gerados pelos programas de avaliação genética, desde que sejam considerados como critério único para selecionar os animais.

O PD205 apresentou uma possibilidade de ΔG de 1,162 kg por ano, levando em consideração um intervalo de geração de 5 anos. Este valor é bem superior ao encontrado pela tendência genética estimada para esta característica, no entanto este valor de ΔG reflete o máximo possível de ganho para seleção direta, sem levar nenhum outro caractere em consideração ao selecionar os animais.

No PampaPlus a seleção dos animais é baseada no IQG e o PD205 compõe este índice na forma de TMD ao combinar-se com o PDm. Considerando que o TMD representa 30% do IQG e somente a metade da DEP do PD205 compõe o TMD, temos que a colaboração do PD205 dentro do IQG é de 10%. A tendência genética do PD205 apresentada anteriormente demonstrou um incremento de 0,243 kg, supondo que esta característica fosse independente (sem r_G com nenhuma outra do IQG) e levando em consideração 10% do ΔG estimado de 1,162 kg, temos o valor de 0,116 kg, inferior ao relatado pelas tendências genéticas. Desta forma, fica evidente que a seleção pelo IQG está causando ganhos satisfatórios para o PD205 e que parte desse ganho é reflexo de resposta correlacionada entre todas as características que compõe o índice. Entretanto, o cálculo do ganho esperado em

PD205 pela seleção por IQG é bem mais complexo do que o exemplo acima e necessita das r_G entre todos os caracteres que compõe o IQG como é descrito por Cardellino e Rovira (1987).

Situação semelhante ocorre para o PS550 e o GPD345, que evidenciam tendências positivas e significativas e os prováveis ΔG s de 1,543 e 1,194 kg por ano, respectivamente. Contudo, não é a situação do PES que apresenta a possibilidade de ΔG de 0,2 cm por ano, em seleção direta, e não obteve tendências genéticas significativas, ao ser selecionado pelo IQG, podendo ser um indício de que alguns criadores não estejam utilizando o índice para selecionar seus animais, mas sim critérios correlacionados do IQG que não incluem PES.

Tabela 4.5 – Ganhos genéticos esperados utilizando os componentes de (co) variância estimados via inferência bayesiana para as características objetivas de peso ao nascer (PN), peso ao desmame (PD), peso ao desmame ajustado aos 205 dias de idade (PD205), peso ao sobreano (PS), peso ao sobreano ajustado aos 550 dias de idade (PS550), ganho pós desmame ajustado para 345 dias (GPD345), peso da vaca na desmama (PWD), perímetro escrotal ao sobreano (PES), das raças Hereford e Braford.

	σ_p	h^2	S_m	S_f	S	ΔG	$\Delta G / IG (5 \text{ anos})$
PN	4,247	0,14	10,257	3,304	6,781	0,949	0,190
PD205	28,001	0,13	67,635	21,789	44,712	5,812	1,162
PS550	37,183	0,13	89,799	28,929	59,363	7,717	1,543
GPD345	31,162	0,12	75,255	24,244	49,750	5,970	1,194
PES	2,441	0,26	5,896	1,900	3,898	1,01	0,202
PVD	55,002	0,18	132,829	42,791	87,8104	15,801	3,161

σ_p = desvio padrão fenotípico; h^2 = herdabilidade aditiva direta; S_m = diferencial de seleção para os machos; S_f = diferencial de seleção para as fêmeas; S = diferencial de seleção total; ΔG = ganho genéticos esperado por geração; $\Delta G / IG (5 \text{ anos})$ = ganho genético esperado por geração dividido pelo intervalo médio de gerações.

Os valores descritos dos ganhos genéticos para os escores visuais, descritos na tabela 4.6, demonstram que mesmo na seleção direta para cada característica, o valor de mudança é modesto, levando muitas gerações para aumentar a média da população de um valor de escore para outro. Como exemplo, mudar a média fenotípica em um rebanho para ECS que é 2 para 3 levaria mais de 5 gerações.

Tabela 4.6 – Ganhos genéticos esperados utilizando os componentes de (co) variância estimados via inferência bayesiana para os escores visuais de musculatura ao desmame (MUSD), estatura ao desmame (ESTD), estrutura corporal ao desmame (ECD), tamanho de umbigo ao desmame (TUD), musculatura ao sobreano (MUSS), estatura ao sobreano (ESTS), estrutura corporal ao sobreano (ECS), tamanho de umbigo ao sobreano (TUS) e condição corporal da vaca ao desmame (CCVD), das raças Hereford e Braford.

	σ_p	h^2	S_m	S_f	S	ΔG	$\Delta G / IG (5 \text{ anos})$
MUSD	0,947	0,07	2,291	0,738	1,515	0,106	0,021
MUSS	0,831	0,18	2,006	0,646	1,326	0,239	0,048
ESTD	0,854	0,10	2,063	0,665	1,364	0,136	0,027
ESTS	0,800	0,11	1,932	0,622	1,277	0,140	0,028
ECD	0,866	0,04	2,091	0,674	1,383	0,055	0,011
ECS	0,831	0,14	2,006	0,646	1,326	0,186	0,037
TUD	0,520	0,08	1,255	0,404	0,830	0,066	0,013
TUS	0,490	0,11	1,183	0,381	0,782	0,086	0,017
CCVD	0,640	0,09	1,546	0,498	1,022	0,092	0,018

σ_p = desvio padrão fenotípico; h^2 = herdabilidade aditiva direta; S_m = diferencial de seleção para os machos; S_f = diferencial de seleção para as fêmeas; S = diferencial de seleção total; ΔG = ganho genético esperado por geração; $\Delta G / IG (5 \text{ anos})$ = ganho genético esperado por geração dividido pelo intervalo médio de gerações.

A utilização de escores visuais como critérios de seleção deve ser avaliada de forma criteriosa e, devido às suas baixas herdabilidades e a incerteza da sua importância econômica, não deve se sobrepor às características de desempenho nas ponderações dos índices de seleção.

Intensificar o trabalho dentro da propriedade rural para a diminuição do intervalo de geração (IG), demonstra-se como um fator preponderante para o aumento do progresso genético, e dessa forma, a utilização de touros jovens classificados no topo da avaliação genética, pode ser a ferramenta mais impactante e de fácil implementação que os produtores têm disponível para aumentar a resposta à seleção.

5. Conclusões

Os parâmetros genéticos estimados para a população são de modo geral diferentes dos relatados pela literatura, devendo ser considerada adoção destes valores na avaliação genética do PampaPlus.

Os resultados demonstram que existe variabilidade genética para ser usada na seleção das características avaliadas. Entretanto, pela moderada magnitude, deve-se considerar as informações de desempenho de parentes e progêneres por meio das avaliações genéticas para aumentar a acurácia de seleção.

Valores altos das variâncias residuais demonstram que existem fatores ambientais não mesuráveis de grande influência sobre as características, o que dificulta separar o desempenho em razão do mérito genético de cada indivíduo e o efeito causado pelas condições de ambiente. Inconsistências nas informações de pedigree, diferentes oportunidades para os animais dos mesmos grupos de contemporâneos e erros de digitação das avaliações por parte dos criadores podem ser as principais causas deste problema.

Através das tendências genéticas pode-se observar que está ocorrendo ganho genético de forma moderada nos rebanhos assistidos pelo PampaPlus, ficando evidente a possibilidade de aumentar estes ganhos com a intensificação da utilização dos valores gerados pelo programa como critérios de seleção.

Ganhos genéticos satisfatórios podem ser alcançados na seleção direta das características de desenvolvimento ponderal, a diminuição do intervalo de gerações principalmente com a utilização mais intensa de touros jovens e novilhas selecionados com base nos índices genéticos, tende a aumentar ainda mais esses ganhos.

O programa PampaPlus é uma ferramenta genética viável e de fácil implementação junto ao criador, e sua utilização tende a aumentar a eficiência produtiva através do melhoramento genético dos rebanhos controlados, bem como dos criadores comerciais que compram e utilizam essa genética no seu sistema produtivo.

6. Referências bibliográficas

ALVES, R. M.; TEIXEIRA, B. B. M.; COSTA, R. F.; AZAMBUJA, R. C. C.; SILVA, F. L.; YOKOO, M. J. I.; CARDOSO, F. F.. PAMPAPLUSNET: Sistema Web para coleta, armazenamento e tratamento de informações para avaliação genética de bovinos, **III Salão de Iniciação Científica do CPPSUL. Anais...**; Embrapa Pecuária Sul. 2013.

ASBIA, **Relatório anual de importação, exportação e comercialização de sêmen**, 2011, <http://www.asbia.org.br/novo/home/>.

AZAMBUJA, Rodrigo Carneiro de Campos de. **Características metabólicas do período de transição e eficiência produtiva de vacas de corte de diferentes genótipos criadas no sul do Brasil**. 2013. 79 f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós Graduação em Zootecnia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas.

BARBOSA, F. D.; **Vacaria dos Pinhais**. Porto Alegre, Escola Superior de Teologia São Lourenço de Brindes, Caxias do Sul; Universidade de Caxias do Sul, 1978.

BELLHOUSE, D. R.. The Reverend Thomas Bayes, FRS: A Biography to Celebrate the Tercentenary of His Birth. **Statistical Science**, Vol. 19, No. 1, 3–43, 2004.

BERGMANN, J. A. G.. Melhoramento genético da eficiência reprodutiva em bovinos de corte. Revista Brasileira de Reprodução Animal. Vol.1, Nº 4, 70-86. 1993. (Suplemento).

BLASCO, A.. The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, 79, 2023 – 2046, 2001.

BIF; **Guidelines for uniform improvement programs**; BEEF IMPROVEMENT FEDERATION; Ninth edition, 2010.

BOLDMAN, K. G.; VAN VLECK, L. D.; GREGORY, K. E.; CUNDIFF, L. V.. Estimates of direct and maternal parameters for 200 d weight in purebred and composite lines of beef cattle [abstract]. **Journal of Animal Science**; 69 (Suppl 1):203. 1991.

BOLIGON, A. A.; ALBUQUERQUE, L. G.. Correlações genéticas entre escores visuais e características reprodutivas em bovinos Nelore usando inferência bayesiana. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.45, n.12, p.1412 – 1418, dez. 2010.

BOLIGON, A. A.; ALBUQUERQUE, L. G.; MERCADANTE, M. E. Z.; LÔBO, R. B.. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia** 38: 2320-2326, 2009.

BOURDON, R. M.; BRINKS, J. S. Scrotal circumference in yearling Hereford bulls: adjustment factors, herdabilities and genetic, environmental and phenotypic relationships with growth traits. **Journal Animal Science**, v. 62, p. 958-967, 1986.

CABRERA, M.E.; GARNERO, A. del V., LÔBO, R.B. et al. Efecto de la incorporación de la covarianza genética directa-materna en el análisis de características de crecimiento em la raza Nelore. **Livestock Research for Rural Development**, v.13, n.3, p.1-6, 2001.

CARDELLINO, R. A.; ROVIRA, J.; **Mejoramiento genético animal.** Montevideo, Editorial Agropecuaria Hemisferio Sur S.R. L. 1987. 253p.

CAMPOS, L. T.; PROMEBO: Programa de Melhoramento Genético de Bovinos de Carne. In: ELIAS, A.C.; **O Centenário do Herd Book Collares: 100 Anos.** Porto Alegre, Futura.rs Comunicação & Marketing, p. 325-347, 2006.

CARDOSO, F. F.; LOPA, T. P.; **Pampa Plus: Avaliação Genética Hereford e Braford.** *Manual do 5º Curso de Melhoramento de Bovinos de corte PampaPlus / Embrapa*, Bagé, Embrapa – Pecuária Sul, 2013, 47 p.

CARDOSO, F. F. **Aplicação da Inferência Bayesiana no Melhoramento Animal Usando o Programa Intergen** Manual da Versão 1.2. (Documentos / Embrapa Pecuária Sul, ISSN 1982-5390 ; 111), Embrapa Pecuária Sul. Bagé, p.31. 2010.

CARDOSO, F.; F.. **Ferramentas e estratégias para o melhoramento genético de bovinos de corte.** Bagé: Embrapa Pecuária Sul,. (Embrapa Pecuária Sul. Documentos; 83; ISSN 1982-5390). 2009.

CARDOSO, F. F. **Manual de utilização do Programa INTERGEN – Versão 1.0¹ em estudos de genética quantitativa animal.** (Documentos / Embrapa Pecuária Sul, ISSN 1982-5390 ; 74), Embrapa Pecuária Sul. Bagé, p.45. 2008.

CARDOSO, F. F.; Melhoramento Genético de Bovinos de Corte. In: BARCELLOS, J. O. J.; CHRISTOFARI, L. F.; LOPA, T. P.; **Caderno de atualização técnica e julgamento de Hereford e Braford,** Porto Alegre, Associação Brasileira de Hereford e Braford, p. 114-135, 2007.

CARDOSO, F. F.; TEMPELMAN, R. J.. Hierarchical Bayes multiple-breed inference with an application to genetic evaluation of a Nelore-Hereford population. **Journal of Animal Science**, 82:1589-1601. 2004.

CARDOSO, F. F.; CARDELLINO, R. A.; CAMPOS, L. T.. Componentes de (Co)Variância e Parâmetros Genéticos de Caracteres Pós-Desmama em Bovinos da Raça Angus. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia** (Cessou em 1996. Cont. 1516-3598 Revista Brasileira de Zootecnia), v. 33, n.2, p. 313-319, 2004.

CARDOSO, F. F.; CARDELLINO, R. A.; CAMPOS, L. T.. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para caracteres produtivos à desmama de bezerros Angus criados no Estado do Rio Grande do Sul. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia** (Cessou em 1996. Cont. 1516-3598 Revista Brasileira de Zootecnia), v. 30, n.1, p. 41-48, 2001.

CARNEIRO, A. P. S.; TORRES, R. A.; EUCLYDES, R. F.; SILVA, M. A.; LOPES, P. S.; CARNEIRO, P. L. S.; TORRES FILHO, R. A.. Efeito da conexidade de dados sobre o valor fenotípico médio e a variância genética aditiva. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.2, p.336-341, 2001.

CASTRO-PEREIRA, V. M. de; ALENCAR, M. M. de; BARBOSA, R. T.. Estimativas de parâmetros genéticos e de ganhos direto e indireto à seleção para características reprodutivas

e de crescimento em um rebanho da raça Canchim. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.4, p.1029-1036, 2007 (supl.)

COBUCI, J. A.; ABREU, U. G. P.; TORRES, R. A.. **Formação de Grupos Contemporâneos em Bovinos de Corte**. Corumbá: Embrapa Pantanal, 2006. 27p.; 16 cm. (Documentos / Embrapa Pantanal, ISSN 1517-1973; 87).

COSTA, G. Z.; QUEIROZ, S. A.; OLIVEIRA, J. A.; FRIES, L. A.. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de escores visuais e de ganho médio de peso do nascimento a desmama de bovinos formadores da raça Brangus. **ARS VETERINARIA**, Jaboticabal, SP, v.24, n.3, 172-176, 2008.

CUNDIFF, L. V.; GREGORY, K. E.; LONG, C. R.. Genetic variation among and within herds of Angus and Hereford cattle. **Journal Animal Science**; 41:1270-1280. 1975.

DAVIS, G. P.. Genetic parameters for tropical beef cattle in Northern Australia: a review. **Crop and Pasture Science**, 44(2), 179-198. 1993.

De MATTOS, D.; MISZTAL, I.; BERTRAND, J. K.. Variance and covariance components for weaning weight for Herefords in three countries. **Journal Animal Science** 2000; 78:33-37.

DIAS, L. T.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L. G.. Estimativas de Herdabilidade para Perímetro Escrotal de Animais da Raça Nelore. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.6, p.1878-1882, 2003 (Supl. 2).

ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; TEIXEIRA, L. A.. Seleção para precocidade em novilhas de corte. In: PIRES, A. V. **Bovinocultura de Corte**. Piracicaba: FEALQ, v.2, 2010. p. 801-812.

ELIAS, A. C.; **O Centenário do Herd Book Collares: 100 Anos**. Porto Alegre, Futura.rs Comunicação & Marketing, 2006, 349p.

ENSMINGER, M. E.; **Beef cattle science**. Danville, Illinois, Interstate, 1976.

EVANS, J. L.; GOLDEN, B. L.; BOURDON, R. M., et al. Additive genetic relationships between heifer pregnancy and scrotal circumference in Hereford cattle. **Journal Animal Science**, Champaign, v. 77, n. 10, p. 2621-2628, 1999.

EVERLING, D. M.; FERREIRA, G. B. B.; RORATO, P. R. N.; ROSO, V. M.; MARION, A. E.; FERNANDES, H. D.. Estimativas de herdabilidade e correlação genética para características de crescimento na fase de pré-desmama e medidas de perímetro escrotal ao sobreano em bovinos Angus-Nelore. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, 30(6S):2002-2008, 2001.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Harlow: Longman Group Ltda, 1996. 464p.

- FARIA, C. U.; KOURY FILHO, W.; MAGNABOSCO, C. U.; ALBUQUERQUE, L. D.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B.. Bayesian inference in genetic parameter estimation of visual scores in Nellore beef-cattle. *Genetics and Molecular Biology*, 32(4), 753-760. 2009.
- FARIA, C. U.; MAGNABOSCO, C. U.; ALBUQUERQUE, L. G.; de los REYES, A.; BEZERRA, L. A. F.; LOBO, R. B.. Análise genética de escores de avaliação visual de bovinos com modelos bayesianos de limiar e linear. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.43, n.7, p.835-841, jul. 2008.
- FERNANDO, R. L. Theory for analysis of multi-breed data. 7th GENETIC PREDICTION WORKSHOP OF THE BEEF IMPROVEMENT FEDERATION, 7., 1999, Kansas City. *Proceedings...* Kansas City: BIF, 1999. p. 1-16.
- 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* vol.31, no.2, Viçosa, 2002.
- FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P.. **Qualidade dos dados coletados.** In: SIMPÓSIO NACIONAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 2., 1998, Uberaba. *Anais...* Uberaba: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 1998. p. 265-269.
- FISHER, R. A.; **The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance.** Trans. Royal Society, v.52, p.399-433, 1918.
- FLORES, M.; **História do Rio Grande do Sul.** Porto Alegre, Nova Dimensão, 1996, 5^a ed.
- FRIES, L. A.; Normas e bases para programas uniformes de melhoramento de gado de corte, traduzido, BEEF IMPROVEMENT FEDERATION; **Guidelines for uniform improvement programs;** U. S. Government Printing Office, 1972.
- GARNERO, A. D. V.; FERNANDES, M. B.; FIGUEIREDO, L. F. C.; LÔBO, R. B.. Influência da incorporação de dados de progênie na classificação de touros da raça Nelore. *Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia*, v.31, n.2, p918-923, 2002.
- GIANOLA, D.; FERNANDO, R. L.. Bayesian methods in animal breeding theory. *Journal of Animal Science*, Champaign, v. 63, p. 217-244, 1986.
- GIANOLA, D.; FOULLEY, J. L.; FERNANDO, R. L. Prediction of breeding values when variances are not known. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 3., 1986, Lincoln. *Proceedings...* Lincoln: University of Nebraska, 1986. v. 12, p. 356-370.
- GIANOLA, D.; IM, S.; MACEDO, F.W. A framework for prediction of breeding value. In: GIANOLA, D.; HAMMOND ,K. (Ed.). **Advances in statistical methods for the genetic improvement of livestock.** Berlin: Springer-Verlag, 1990. p. 210-238.
- GIANOLA, D.; RODRIGUEZ-ZAS, S.; SHOOK, G. E. The Gibbs sampler in the animal model: a primer. In: FOULLEY, J. L.; MOLENAT, H. (Ed.). **SÉMINAIRE MODELE**

ANIMAL. INRA Departament de Genetique Animale, La Colle sur Loup, France, p. 47-56, 1994.

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**, v.34, n.4, p.1173-1180, 2005.

GORDO, D. G. M.; COSTA, R. B.; BOLIGON, A. A.; CARVALHEIRO, R.; ALBUQUERQUE, L. G.. **Estimativas de herdabilidade e correlações genéticas para escores visuais ao sobreano e ganho em peso pós-demama em bovinos da raça Hereford.** *Anais do IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal João Pessoa*, PB – 20 a 22 de junho de 2012.

GUTERRES, L. F. W.; RORATO, P. R. N.; BOLIGON, A. A.; WEBER, T.; LOPES, J. S.; SOUZA, P. R. S.. Inclusão da covariância genética direta-materna no modelo para estimar parâmetros e predizer valores genéticos para ganho de peso em bovinos da raça Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.6, p.2268-2274, 2006.

ICAR; **International agreement of recording practices.** INTERNATIONAL COMMITTEE FOR ANIMAL RECORDING, *Approved by the General Assembly held in Cork, Ireland, on June 2012*, 2012.

JÚNIOR, J. J.; PITA, F. V. C.; FRIES, L. A.; ALBUQUERQUE, L. G.. Influência de Alguns Fatores de Ambiente sobre os Escores de Conformação, Precocidade e Musculatura à Desmama em um Rebanho da Raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 30(6):1697-1703, 2001.

HAZEL, L. N.; **The genetic basis for constructing selection indexes.** Genetics, v. 28, p. 476-490, 1943.

HENDERSON, C.R.. **Applications of linear models in animal breeding.** 1st ed. Canadian cataloguing in publication data. Canadá. 461 p. 1984.

HENDERSON, C.R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S.R.; VON KROSIGK, C.M. "The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling". **Biometrics (International Biometric Society)** p. 192–218. 1959.

HENDERSON, C. R.; **Estimation of changes in herd environment.** J. Dairy Sci. v.32, p.706-711, 1949.

KOCH, M. R., CUNDIFF, L.V., GREGORY, K. E. 1995. Direct and maternal genetic responses to selection for weaning or yearling weight or yearling weight and muscle score in Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, 73:2951-2958.

KOOTS, K.R.; GIBSON, J.P.; WILTON, J.W. Analyses of published genetic parameters estimates for beef production traits. 1- Heritability. **Animal Breeding Abstracts**, v.62, n.5, p.309-338, 1994a.

KOOTS, K.R.; GIBSON, J.P.; WILTON, J.W. Analyses of published genetic parameters estimates for beef production traits. 2 - Phenotypic and genetic correlations. **Animal Breeding Abstracts**, v.62, n.11, p.825-853, 1994b.

KOURY FILHO, W.; ALBUQUERQUE, L. G.; ALENCAR, M. M.; FORNI, S.; SILVA, J. A. II V.; LÔBO, R. B.. Estimativas de herdabilidade e correlações para escores visuais, peso e altura ao sobreano em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.12, p.2362-2367, 2009.

LUSH, J.L.; **Animal breeding plans**. si.; Collegiate Press, 1945.

MAGALHÃES, A. F. B.; COSTA, R. B., AYRES, D. R.; CARVALHEIRO, R.; ALBUQUERQUE, L. G.. **Estimativas de parâmetros genéticos para escores visuais e crescimento até a desmama em bovinos Braford**. *Anais do IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal João Pessoa*, PB – 20 a 22 de junho de 2012.

MARCONDES, D. G.; BITTENCOURT, T. C. C.; ROCHA, J. C. M. C.; LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; TONHATI, H.. Estudo de modelo alternativo para estimação de componentes de (co) variância e predição de valores genéticos de características de crescimento em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, n.1, p.93 – 99, fev., 2002.

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

MERCADANTE, M. E. Z.; LÔBO, R. B.; de OLIVEIRA, H. N.. Estimativas de (co)variâncias entre características de reprodução e de crescimento em fêmeas de um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 2000; 29:997-1004.

MEYER, K.. Estimates of covariance components for growth traits of Australian Charolais cattle. **Australian Journal of Agricultural Research**. 1993; 44:1501- 1508.a

MEYER, K.. Covariance matrices for growth traits of Australian Polled Hereford cattle. **Animal Production Science**. 1993; 57:37-45.b

MEYER, K.. Estimates of genetic parameters and breeding values for New Zealand and Australian Angus cattle. **Australian Journal of Agricultural Research**. 1995; 46:1219-1229.

MEYER, K.. Estimates of genetic parameters for weaning weight of beef cattle accounting for direct-maternal environmental covariances. **Livestock Production Science**. 1997; 52:187-199.

MEYER, K.; JOHNSTON, D. J.; GRASER, H. U.. Estimates of the complete genetic covariance matrix for traits in multi-trait genetic evaluation of Australian Hereford cattle. **Australian Journal of Agricultural Research**. 2004; 55:195-210.

MISZTAL, I. **BLUPF90 family of programs**. Disponível em:

<<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html>>. Acesso em: mar. 2012.

MORAES, J. C. F.; JAUME, C. M.; SOUZA, C. J. H.. Controle da reprodução em bovinos de corte. **Comunicado Técnico Embrapa Pecuária Sul**, n.58, p.1-3, 2005.

MUNIZ, C. A. S. D.; CARVALHEIRO, R.; FRIES, L. A.; QUEIROZ, S. A.. Dois critérios de seleção na pré-desmama em bovinos da raça Gir. 1. Estimativas de parâmetros genéticos. **Revista Brasileira de Zootecnia**. vol.34 no.3 Viçosa May/June 2005.

OLIVEIRA, M. M.; CARDOSO, F. F.; OSÓRIO, J. C. S.. Inferência robusta e heterocedástica em componentes de variância, parâmetros e valores genéticos multirraciais. **Revista Brasileira de Zootecnia / Brazilian Journal of Animal Science**, v. 40, p. 772-780, 2011.

OLIVEIRA, M. M.; CARDOSO, F. F.; OSÓRIO, J. C. S.. Componentes de variância e parâmetros genéticos em uma população multirracial Nelore-Angus sob enfoque Bayesiano. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.39, n.11, p.2426-2433, 2010.

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

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

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**, 29(6), 1676-1683. 2000.

PIRES, B. C.; FARIA, C. U.; VIU, M. A. O., TERRA, J. P., LOPES, D. T., MAGNABOSCO, C. U., LÔBO, R. B.. Modelos bayesianos de limiar e linear na estimativa de parâmetros genéticos para características morfológicas de bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.11, n.3, p. 651-661 jul/set, 2010.

REGATIERI, I. C.; BOLIGON, A. A.; BALDI, F.; ALBUQUERQUE; L. G.. Genetic correlations between mature cow weight and productive and reproductive traits in Nellore cattle. **Genetics and Molecular Research**. 11 (3): 2979-2986, 2012.

REYES, A., M.; ELZO, A.; FRIES, L. A.; ROSO, V. M.; CARVALHEIRO, R.. Non-Genetic, additive and Non-additive genetics effects for animal model analyses of weaning weights in a Nelore x Hereford multibreed population in Brazil. **Proceedings of 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, Belo Horizonte, Brasil. CD-ROM, communication n° 03-77. 2006.

R Development Core Team (2011). R: A language and environment for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL: <http://www.R-project.org/>

ROSO, V.M.; FRIES, L.A. Avaliação das heteroses maternas e individuais sobre o ganho de peso do nascimento ao desmame em bovinos Angus x Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 29(3):732-737, 2000.

SAS Institute Inc., Cary, NC, USA. **SAS users guide: basics**. 9.3 ed. Cary, 2008-2010.

SEARLE, S.R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C.E. **Variance components**. New York. J. Wiley, 1992. 528p.

SCHENKEL, F. S.; **Princípios de seleção**. In: GenSys Consultores Associados S/C Ltda. Bovinos de Corte: Seleção e Cruzamento. Porto Alegre: GenSys,, p. 24-38, 1994.

SEVERO, J. L. P.; **Manejo e controle de produção para implantação de um programa de melhoramento genético de bovinos de corte**. In: GenSys Consultores Associados S/C Ltda. Bovinos de Corte: Seleção e Cruzamento. Porto Alegre: GenSys, p. 2-23, 1994.

SILVA, A. M.; ALENCAR, M. M.; FREITAS, A. R.; BARBOSA, R. T.; BARBOSA, P. F.; OLIVEIRA, M. C. S. O.; CORRÊA, L. A.; NOVAES, A. P.; TULLIO R. R.. Herdabilidade e correlações genéticas para peso e perímetro escrotal de machos e características reprodutivas e de crescimento de fêmeas, na raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.2223-2230, 2000. (Suplemento 2).

SILVA, M. A.; THIÉBAUT, J. T. L.; VALENTE, B. D. et al. **Modelos lineares aplicados ao melhoramento genético animal**. FEPMVZ Editora. Escola de Veterinária da UFMG. 375p. 2008.

SILVA, J. A. II V.; MARCELO, E. T.; RIBEIRO, C. B.; MAIORANO, A. M.; CURI, R. A.; OLIVEIRA, H. N.; MOTA, M. D. S.. Análise genética de características de crescimento e perímetro escrotal em bovinos da raça Brangus. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.47, n.8, p.1166-1173, ago. 2012.

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

SNELLING, W. M.; MACNEIL, M. D.; KRESS, D. D.; ANDERSON, D. C.; TESS, M. W.. Factors influencing genetic evaluations of linebred Hereford cattle in diverse environments. **Journal of Animal Science**; 74:1499-1510. 1996.

SORENSEN, D. A.; GIANOLA, D. **Likelihood, Bayesian and MCMC methods in quantitative genetics**. New York: Springer-Verlag, 2002. 740 p.

SORENSEN, D.; WANG, C. S.; JENSEN, J.; GIANOLA, D. Bayesian analysis of genetic change due to selection using Gibbs sampling. **Genetic Selection Evolution**, v. 26, p. 333-360, 1994.

STIGLER, S. M.. **The History of Statistics: The Measurement of Uncertainty before 1900**. Harvard University Press, Cambridge, MA. 1986.

STIGLER, S. M.. Who discovered Bayes's theorem? **The American Statistician**, v. 37, p. 290-296, 1983.

TEMPELMAN, R. J.. Generalized Linear Mixed Models in Dairy Cattle Breeding. **Jornal of Dairy Science**, v. 81, p.1428 – 1444, 1998.

TORAL, F. L. B.; ALENCAR, M. M.; FREITAS, A. R.. Abordagens frequentista e bayesiana para avaliação genética de bovinos da raça Canchim para características de crescimento. **Revista Brasileira de Zootecnia**. vol.36 no.1 Viçosa Jan/Feb. 2007.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. Foreign Agricultural Service. **Livestock and Poultry: World Markets and Trade**. Disponível em: <http://www.fas.usda.gov/psdonline/circulars/livestock_poultry.pdf>. Acessado em: 02/12/2013.

VAN TASSELL, 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**, v.78, n.3, p.678-692, 1995.

VAN VLECK, L.D.. **Selection Index na Introduction to Mixed Model Methods: The Gree Book**. ISBN: 0-8493-8762-0, Selection indexes (Animal breeeding) – Statistical methods, 1999 406p.

VAN TASSELL, 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 of Animal Science**, v.74, n.11, p.2586-2597, 1996.

VAN VLECK, L.D. Contemporary groups for genetic evaluations. **Journal Dairy Science**, v.70, p. 2456-2464, 1987.

VARGAS, C. A.; ELZO, M. A.; CHASE, C. C. Jr.; CHENOWETH, P. J.; OLSON, T. A.. Estimation of genetic parameters for scrotal circumference, age at puberty in heifers, and a hip height in Brahman cattle. **Journal of Animal Science**, v. 76, n.10, p. 2536-2541, 1998.

YOKOO, M. J. I.; WERNECK, J. N.; PEREIRA, M. C.; ALBUQUERQUE, L. G.; KOURY FILHO, W.; SAINZ, R. D.; LOBO, R. B.; 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**, v.36, n.6, p.1761-1768, 2007.

YOKOO, M. J. I.; ALBUQUERQUE, L. G.; LOBO, R. B.; SAINZ, R. D.; JÚNIOR, J. M.; BEZERRA, L. A. F.; ARAUJO, F. R. C.. Correlações genéticas entre escores visuais e características de carcaça medidas por ultrassom em bovinos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.44, n.2, p.197-202, fev. 2009.

WRIGHT, S.; **Systems of mating**. Genetics, v.6, p.111-178, 1921.