UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA – UESB
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA
***CAMPUS* DE ITAPETINGA**

INFERÊNCIA BAYESIANA NA PREDIÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM BOVINOS DA RAÇA TABAPUÃ DO NORDESTE BRASILEIRO

ARACELE PRATES DE OLIVEIRA

ITAPETINGA – BAHIA
NOVEMBRO 2013

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

INFERÊNCIA BAYESIANA NA PREDIÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM BOVINOS DA RAÇA TABAPUÃ DO NORDESTE BRASILEIRO

Autor: Aracele Prates de Oliveira
Orientador: Paulo Luiz Souza Carneiro

ITAPETINGA
BAHIA – BRASIL
2013

ARACELE PRATES DE OLIVEIRA

INFERÊNCIA BAYESIANA NA PREDIÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM BOVINOS DA RAÇA TABAPUÃ DO NORDESTE BRASILEIRO

Tese apresentada à Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB / *Campus* de Itapetinga – Bahia, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Área de Concentração em Produção de Ruminantes, para obtenção do título de Doutor.

Orientador: D.Sc. Paulo Luiz Souza Carneiro
Co-orientadores: D.Sc. Carlos H. Mendes Malhado
D.Sc. Leandro Teixeira Barbosa

ITAPETINGA
BAHIA - BRASIL
2013

636.2 Oliveira, Aracele Prates de.

O45i Inferência bayesiana na predição de parâmetros genéticos em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste Brasileiro. / Aracele Prates de Oliveira. – Itapetinga-BA: UESB, 2013.

63f.

Tese apresentada à Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB / *Campus* de Itapetinga – Bahia, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Área de Concentração em Produção de Ruminantes, para obtenção do título de Doutor. Sob a orientação do Prof. D.Sc. Paulo Luiz Souza Carneiro e co-orientação do Prof. D.Sc. Carlos H. Mendes Malhado e Prof. D.Sc. Leandro Teixeira Barbosa.

1. Bovinos da raça Tabapuã - Tendências genéticas - Inferência Bayesiana. 2. Bovinos da raça Tabapuã – Correlação genética - Herdabilidade. 3. Bovinos da raça Tabapuã - Zebu - Ganho genético. I. Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. Programa de Pós-Graduação de Doutorado em Zootecnia. II. Carneiro, Paulo Luiz Souza. III. Malhado, Carlos H. Mendes. IV. Barbosa, Leandro Teixeira. V. Título.

CDD(21): 636.2

Catalogação na Fonte:

Adalice Gustavo da Silva – CRB 535-5ª Região

Bibliotecária – UESB – Campus de Itapetinga-BA

Índice Sistemático para desdobramentos por Assunto:

1. Bovinos da raça Tabapuã - Tendências genéticas - Inferência Bayesiana
2. Bovinos da raça Tabapuã – Correlação genética - Herdabilidade
3. Bovinos da raça Tabapuã - Zebu - Ganho genético

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA - UESB
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA
Área de Concentração: Produção de Ruminantes

Campus Itapetinga-*BA*

D E C L A R A Ç Ã O D E A P R O V A Ç Ã O

Título: "Inferência Bayesiana na predição de parâmetros genéticos em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste Brasileiro".

Autor (a): Aracele Prates de Oliveira
Orientador (a): Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro
Co-orientador (a): Prof. Dr. Leandro Barbosa Teixeira
Co-orientador (a): Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, ÁREA DE CONCENTRAÇÃO: PRODUÇÃO DE RUMINANTES, pela Banca Examinadora:

Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro- UESB

Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado – UESB

Prof. Dr. Marcelo Cervini- UESB

Prof. Dr. Valdemiro Conceição Júnior- UESB

Prof. Dr. Amauri Arias Wenceslau – UESC

Data de realização: 08 de novembro de 2013.

“Quando vem a ordem de mudança, o guerreiro vê todos os amigos que criou durante o tempo que seguiu o caminho. A alguns ensinou como escutar os sinos de um templo submerso, a outros contou histórias em torno da fogueira. Seu coração fica triste; mas ele sabe que sua espada está consagrada, e deve obedecer as ordens Daquele a quem ofereceu sua luta. Então o guerreiro da luz agradece os companheiros de jornada, respira fundo, e segue sozinho, carregado com lembranças de uma jornada inesquecível”.

(Manual do Guerreiro da Luz / Paulo Coelho)

À minha querida avó, Rosentina Cardoso Prates (in memorian), por me amar, antes mesmo de me conhecer, pelos ensinamentos e pelo amor incondicional. Não tenho palavras para expressar sua importância em minha vida e a falta que me faz.

À minha amiga, Chrizhever Silva Porto (in memorian), por me tornar uma pessoa melhor, por ter sonhado junto comigo, por acreditar em mim, muito mais que eu e, principalmente, por ter me ensinado o valor da AMIZADE. Serei eternamente grata. Esta conquista também é sua. Pra você o meu melhor sorriso SEMPRE!

Ao meu querido, Gabriel Ribeiro (in memorian), pelas palavras de carinho, conselhos, por sua torcida em todos os momentos. Sua risada gostosa ficará pra sempre guardada em minha memória.

DEDICO

Aos meus pais, Edneu e Selma, razão da minha vida, por fazer dos meus sonhos os seus e por acreditarem em cada conquista minha. EU AMO VOCÊS!

Às minhas irmãs, Évylla e Raíza, presentes de Deus em minha vida, minha alegria e meu orgulho. A vida não teria a menor graça se eu não tivesse vocês, MEUS AMORES.

Ao meu sobrinho, Benício que enche meus dias de ALEGRIA.

Ao meu cunhado, Alessandro pela torcida e incentivo mesmo à distância.

Para vocês, o melhor que eu tenho, sempre...

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

“Porque eu, o SENHOR teu Deus, te tomo pela tua mão direita; E te digo: Não temas, eu te ajudo". (Isaías 41:13)

Ao meu Deus, por nunca ter me desamparado, por ter me dado uma família maravilhosa, amigos fantásticos, saúde e paciência para que eu pudesse chegar ao fim de mais uma etapa;

Ao professor Paulo Carneiro, pela orientação, ensinamentos, apoio, paciência e por ter acreditado em minha capacidade, quando nem eu mesma acreditei;

Ao Professor Robério Rodrigues por ter acreditado no meu potencial desde a iniciação científica e pelos quatro anos de agradável convivência;

Aos professores Carlos Henrique Mendes Malhado e Leandro Teixeira Barbosa, pela co-orientação;

Aos professores Amauri Arias Wenceslau, Valdemiro Conceição Júnior, Marcelo Cervini e Carlos Henrique Mendes Malhado por terem aceitado o convite para a banca de defesa e pelas preciosas sugestões;

Aos professores da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB), pela formação profissional e pessoal;

Aos funcionários Dona Clarice, Belinha, Cleber, José Queiroz, Eduardo, Jaime, Ila, Malú e Josebias, pela simpatia e paciência com que sempre me trataram;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos;

À FAPESB, UESB e CNPQ pelo apoio financeiro e científico;

Ao professor Raimundo Martins e a Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ) por disponibilizar os dados para a realização deste trabalho;

Aos colegas de curso, em especial, Fabrício Bacelar (Bito), Laaina Andrade, Luzyane Varjão (Lú), Luiz Eduardo Barreto, Milton Rezende (Miltinho) e Danilo Ribeiro, pelas horas de estudo e descontração.

Aos amigos de Jequié, verdadeiros anjos que Deus enviou para me ajudar nesta caminhada, em especial:
Laaina Andrade e família, por ter me acolhido em sua casa, dividido comigo muitos momentos de angústia, preocupação, alegrias e tristezas. Amizade que eu vou guardar para sempre em meu coração. Desejo toda felicidade do mundo pra você, pois você merece MANA;

Diego Pagung, pela edição do banco de dados e pela co-orientação em tempo integral, sempre disposto a tirar minhas dúvidas e resolver meus "problemas". Obrigada amigo, sucesso em sua caminhada;

Lorena, Carla e Emanoela pelas horas de descontração, resenhas, ombro amigo, seja em Jequié, Mossoró, Fortaleza ou Maceió amo vocês minhas DRONGAS;

Barbinha, minha preta, sempre disposta a me ajudar com o Gibbs3f90, ombro amigo e acolhedor, preciosos conselhos nos momentos de aflição. Uma pessoa do bem e pro bem, te adoro preta;

Éderson, Júlio, Andréia, Jarbas, José Lauro, Mário, Fernando, Isabela, Marcela, Vannius e Eva a galera do Grupo de Estudos em Melhoramento Animal (GEMA).

Aos meus amigos, em especial: Alessandra Ferreira, Larine e Luzana Paraguai, Zaiara Melo, Fabiani Oliveira, Diléia Vieira, Dirlane Novais e Clebson Ribeiro pelas mensagens de incentivo, pelas conversas nas madrugadas, pelas orações dedicadas a mim e pela amizade em todos os momentos desta caminhada;

Marcelo Mota (Motinha) por ter praticamente me obrigado a fazer a inscrição de seleção para o Doutorado e por ter vibrado com minha aprovação. Sem seu incentivo eu não teria chegado até aqui;

Gilcicléia (Kekéia) e Lucas Vinícius, Daniel Lucas e Kelly Brandão, Mauriceia Carvalho (Cea), Lizziane Argôlo (Lizzi), José Augusto (Zé), Claithiane Soares (Kêu), Osmar Jr, Adair Nolasco (Dai), Eunice Matos (Nicinha), Rita Manuele (Ritinha), Landson Rios (Lan), Calila Teixeira (Calilas), Vinícius Lopes (Vini) e Lívia Costa (Livinha), Katiane Prates (Katy), Tauana Assis (Tau) e Débora (Debbys) pelo ombro amigo, palavras de conforto, agradável companhia e torcida incansável. Vocês foram peças fundamentais nesta conquista. São os "soldados" que comandam meu "exército", que tomam a frente nas minhas piores batalhas e que me dão a força e a determinação que eu preciso pra seguir em frente;

Aos colegas de trabalho do Colégio Francisco Antônio de Brito, Naomar Soares Alcântara, Centro Bandeirante de Recreação de Itororó e Oscar Brasil pela agradável convivência ao longo desse ano e pelas palavras de incentivo;

Ao meu querido, Ailton Júnior, que aguentou minhas crises, manias, reclamações, momentos de tristeza e nesses momentos de angústia e aflição sempre me dizia: "Relaxe, vai dar tudo certo" e realmente deu;

Aos familiares que torceram e acreditaram nesta conquista em especial Tia Neusa pelas orações e Obedis pelas palavras de carinho e a todos que direta ou indiretamente, contribuíram com a realização deste trabalho. Que Deus os abençoe.

"Para que todos vejam, e saibam, e considerem, e juntamente entendam que a mão do SENHOR fez isso". (Isaías 41:20)

BIOGRAFIA

ARACELE PRATES DE OLIVEIRA, filha de Edneu Moreira de Oliveira e Selma Cardoso Prates de Oliveira, nasceu em 30 de outubro de 1983, em Itororó, Bahia.

Em 1998, iniciou o curso Técnico em Agropecuária na Escola Média de Agropecuária Regional da Ceplac (EMARC-IT), concluindo o mesmo em 2000.

Em 2008, graduou-se em Zootecnia pela Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia.

Em março de 2008, iniciou o curso de Pós - Graduação em Zootecnia - Mestrado, na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB, em 2010 obteve o título de Mestre em Zootecnia.

Em março de 2010, iniciou o Curso de Pós - Graduação em Zootecnia - Doutorado, na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - UESB.

Em 12 de julho de 2012 submeteu-se à banca para o exame de qualificação, obtendo o resultado satisfatório.

Em 08 de Novembro de 2013 submeteu-se à banca para defesa da presente Tese de Doutorado.

SUMÁRIO

LISTA DE ILUSTRAÇÕES..... xi

LISTA DE TABELAS..... xii

LISTA DE ABREVIATURAS, SIGLAS E SÍMBOLOS..... xiv

RESUMO..... xv

ABSTRACT..... xvi

I. INTRODUÇÃO GERAL..... 17

1.1 Objetivos..... 19

II. REFERENCIAL TEÓRICO..... 20

2.1 Inferência bayesiana..... 20

2.2 Inferência bayesiana: Estudos no Melhoramento Genético Animal..... 24

III. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS..... 26

CAPÍTULO I - INFERÊNCIA BAYESIANA NA PREDIÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM BOVINOS DA RAÇA TABAPUÃ DO NORDESTE BRASILEIRO..... 29

RESUMO..... 29

ABSTRACT..... 30

1. INTRODUÇÃO..... 31

2. MATERIAL E MÉTODOS..... 32

2.1 Grupo de contemporâneos (GC)..... 32

2.2 Estimação dos componentes de (co)variância e valores genéticos..... 33

2.3 Tendências genéticas, maternas e fenotípicas..... 33

2.4 Critério de Convergência..... 34

2.5 Correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente..... 35

2.6 Seleção de Modelos..... 35

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO..... 36

4. CONSIDERAÇÕES FINAIS..... 55

5- REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS..... 56

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 Tendência genética para a característica P205 em animais da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil, no período de 1975 a 2007..... 42

Figura 2 Tendência genética para a característica P365 em animais da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil, no período de 1975 a 2007..... 42

Figura 03 Tendência genética para a característica P550 em animais da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil, no período de 1975 a 2007..... 43

Figura 04 Tendência genética para o efeito materno para a característica P205 em animais da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil, no período de 1975 a 2007..... 44

Figura 05 Tendência genética para o efeito materno para a característica P365 em animais da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil, no período de 1975 a 2007..... 44

Figura 06 Tendência genética para o efeito materno para a característica P550 em animais da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil, no período de 1975 a 2007..... 45

Figura 07 Tendência fenotípica para a característica P205 em animais da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil, no período de 1975 a 2007..... 45

Figura 08 Tendência fenotípica para a característica P365 em animais da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil, no período de 1975 a 2007..... 46

Figura 09 Tendência fenotípica para a característica P550 em animais da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil, no período de 1975 a 2007..... 47

Figura 10 Proporção dos componentes de variância: va = variância genética aditiva direta; vm = variância genética aditiva materna; vep = variância do efeito permanente; ve = variância residual do Modelo 1; variância: va = variância genética aditiva direta; vm = variância genética aditiva materna e ve = variância residual do Modelo 2 e va = variância genética aditiva direta e ve = variância residual do Modelo 3 para características de pesos aos 205, 365 e 550 dias de idade..... 54

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 Número de observações e número de grupos contemporâneos (GC) para os pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade, em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil..... 32

Tabela 2 Definição do número total de iterações, descarte e salvamento para as características de crescimento após teste de convergência..... 34

Tabela 3 Estatísticas descritivas para os pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade, em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil..... 36

Tabela 4 Estimativas dos componentes de (co)variância para o peso ajustado aos 205 (P205) dias de idade, obtidas em análise de característica única, em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil..... 37

Tabela 5 Estimativas dos componentes de (co)variância para o peso ajustado aos 365 (P365) dias de idade, obtidas em análise de característica única, em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil..... 37

Tabela 6 Estimativas dos componentes de (co)variância para o peso ajustado aos 550 (P550) dias de idade, obtidas em análise de característica única, em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil..... 37

Tabela 7 Estimativas dos parâmetros genéticos do peso ajustado aos 205 (P205) dias de idade, obtidas em análise de característica única, em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil..... 39

Tabela 8 Estimativas dos parâmetros genéticos do peso ajustado aos 365 (P365) dias de idade, obtidas em análise de característica única, em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil..... 39

Tabela 9 Estimativas dos parâmetros genéticos do peso ajustado aos 550 (P550) dias de idade, obtidas em análise de característica única, em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil..... 39

Tabela 10 Equações de regressão para os efeitos genético, materno e fenotípico para os pesos aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil..... 41

Tabela 11 Estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para o peso ajustado aos 205 (P205), 365 (P365) e aos 550 (P550) dias de idade, obtidas em análise bicaracterística, em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil..... 47

Tabela 12 Correlações Genéticas, Fenotípicas e de Ambiente entre os pesos aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil..... 48

Tabela 13 Valores de FB- Fator de Bayes para os pesos P205, P365 e P550 dias de idade de animais da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil..... 50

Tabela 1 4 Estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos dos pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade para os diferentes tipos de modelos estatísticos em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil..... 52

LISTA DE ABREVIATURAS, SIGLAS E SÍMBOLOS

ABCZ - Associação Brasileira de Criadores de Zebu

CV - Coeficiente de Variação

BIC- Bayesian Information Criterion (Critério de Informação Bayesiano)

DIC- Deviance Information Criterion (Critério de Informação do Desvio)

FB- Factor de Bayes (Fator de Bayes)

GC - Grupo de Contemporâneo

DP- Desvio Padrão

HPD- Intervalo de Alta densidade

GIBBS3F90 – Gibbs Fortran

IC - Intervalo de credibilidade

MA1 - efeito genético aditivo direto e materno, efeito de ambiente permanente e residual (modelo completo)

MA2 - efeito genético aditivo direto e materno e residual

MA3- efeito genético aditivo direto e residual

h^2d - herdabilidade direta

h^2m - herdabilidade materna

σ^2a - variância genética aditiva direta

σ^2m - variância genética aditiva materna

σam - covariância genética entre os efeitos aditivos direto e materno

σ^2ep - variância de ambiente permanente

σ^2e - variância ambiental

σ^2p - variância fenotípica

rGam -correlação genética entre os efeitos aditivos direto e materno

P205 – peso padronizado aos 205 dias de idade

P365 - peso padronizado aos 365 dias de idade

P550 - peso padronizado aos 550 dias de idade

RESUMO

OLIVEIRA, A.P. **Inferência bayesiana na predição de parâmetros genéticos em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste Brasileiro.** Itapetinga-Ba: UESB, 2013. (70 p.) (Tese – Doutorado em Zootecnia, Área de concentração em Produção de Ruminantes).*

Objetivou-se estimar componentes de (co)variância, parâmetros genéticos e valores genéticos para os pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365), 550 (P550) dias de idade e comparar modelos a fim de identificar qual deles ajustou melhor os dados , em animais da raça Tabapuã , criados a pasto no Nordeste do Brasil. Foram utilizadas informações de bovinos nascidos no período de 1975 a 2007 provenientes do controle de desenvolvimento ponderal da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ). Os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foram estimados, através da abordagem bayesiana, em análises uni e bicaracterísticas, utilizando-se o programa GIBBS3F90. Adotou-se o critério do Fator de Bayes (FB) para comparar o modelo completo, que incluiu o efeito genético aditivo direto e materno, efeito de ambiente permanente e residual, com os demais modelos que incluíam ou não o efeito genético materno e o de ambiente permanente. Os valores dos coeficientes de herdabilidades para os efeitos genéticos diretos, utilizando o modelo completo, foram 0,19; 0,27 e 0,21, para P205, P365 e P550, respectivamente. As tendências genéticas (regressão linear) de efeito direto foram significativas para as características P205, P365 e P550, correspondendo a incrementos de 2,67Kg; 7,35 Kg e 8,32 Kg, respectivamente, durante os 32 anos avaliados. As tendências genéticas para o efeito materno não foram significativas para nenhuma das características estudadas. As tendências fenotípicas foram significativas apenas para as características P205 e P365 correspondendo a incrementos de 26,82 Kg e 22,42 Kg, respectivamente. As correlações genéticas entre o peso aos 205, 365 e 550 dias de idade foram de alta magnitude (P205P365=0,90; P205P550=0,90 e P365P550=0,98). A não inclusão do efeito de ambiente permanente no modelo, superestimou a variância genética aditiva materna: 122,21 (P205); 262,47 (P365); 296,16 (P550) e, consequentemente, os valores da herdabilidade materna: 0,21 (P205); 0,20 (P365) e 0,14 (P550). Para o modelo que não incluiu a variância genética aditiva materna e a variância do efeito de ambiente permanente ficou evidenciado o valor superestimado da variância genética aditiva, fato que influenciou o valor da herdabilidade direta: 0,43 (P205); 0,39 (P365) e 0,33 (P550). Observou-se pequeno progresso genético no período de 1975 a 2007 para as características P205, P365 e P550. É possível obter ganhos genéticos, via resposta correlacionada, para os pesos aos 365 e 550 dias de idade ao selecionar para P205. O modelo completo proporcionou melhor ajuste para estimativa dos parâmetros genéticos para as características P205 e P365. Para a característica P550 o modelo que proporcionou o melhor ajuste foi o que não incluiu o efeito de ambiente permanente.

Palavras-chave: correlação genética, ganho genético, herdabilidade, tendência genética, zebu

---

* Orientador: Paulo Luiz Souza Carneiro, D.Sc., UESB e Co-orientadores: Carlos Henrique Mendes Malhado, D.Sc., UESB e Leandro Teixeira Barbosa, D.Sc., UFS

ABSTRACT

OLIVEIRA, A.P. **Bayesian inference in the prediction of genetic values in Brazilian Northeast Tabapuã cattle.** Itapetinga-Ba: UESB, 2013. (70 p.) (Thesis – Doctorate Degree in Animal Science, Major in Ruminant Production).*

The objective was to estimate the (co)variance components, genetic parameters and genetic values for the adjusted weights at 205 (W205), 365 (W365) and 550 (W550) days of age and to compare models to identify the best fitting model to represent the data, in Tabapuã animals reared on pasture in the Brazilian northeast. Information of cattle born in the period from 1975 to 2007 originally from the weight-development-control system of the Brazilian Association of Zebu Farmers (*Associação Brasileira de Criadores de Zebu*, ABCZ) was used. The (co)variance components and genetic parameters were estimated by the Bayesian approach, in single- and two-trait analysis, using the GIBBS3F90 software. The Bayes factor (BF) criterion was adopted to compare the complete model, which included the additive genetic direct and maternal effects, permanent environmental and residual effects and the other models that did or did not include the maternal genetic effect and the permanent environmental effect. The heritability coefficients for the direct genetic effects, utilizing the complete model, were 0.19, 0.27 and 0.21 for W205, W365 and W550, respectively. Genetic trends (linear regression) of direct effect was significant for the W205, W365 and W550 features, corresponding to increments of 2.67 kg, 7.35 kg and 8.32 kg, respectively, during the 32 years evaluated. Genetic trends for maternal effects were not significant for any of the traits. Phenotypic trends were significant only for W205 and W365 characteristics corresponding to increments of 26.82 kg and 22.42 kg, respectively. The genetic correlations between weight at 205, 365 and 550 days of age were of high magnitude (P205P365 = 0.90, = 0.90 and P205P550 P365P550 = 0.98).). The non-inclusion of the permanent environmental effect in the model overestimated the maternal additive genetic variance: 122.21 (W205), 262.47 (W365), 296.16 (W550) and, consequently, the maternal heritability values: 0.21 (W205), 0.20 (W365) and 0.14 (W550). For the model that did not include the maternal additive genetic variance, the overestimated value of the additive genetic variance was evident, and this influenced the direct heritability value: 0.43 (W205); 0.39 (W365) and 0.33 (W550). There was little genetic progress in the period 1975 to 2007 for W205, W365 and W550 features. You can obtain genetic gains via correlated response to the weights at 365 and 550 days old when selecting for W205. The full model provided the best fit to estimate the breeding value for W205 and W365 characteristics parameters. For trait W550, the model that provided the best fit was the one that did not include the effect of permanent environment.

Keywords: genetic correlation, genetic gain, heritability, genetic tendency, zebu

---

* Advisor: Paulo Luiz Souza Carneiro, D.Sc., UESB; Co-advisors: Carlos Henrique Mendes Malhado, D.Sc., UESB and Leandro Teixeira Barbosa, D.Sc., UFS.

I. INTRODUÇÃO GERAL

O aperfeiçoamento dos métodos para estimar os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos tem sido uma preocupação constante dos pesquisadores ao longo dos anos (Magnabosco et al., 2000). Estimativas acuradas dos componentes de variância têm sido importantes na produção animal, uma vez que as diferenças entre o valor verdadeiro e o valor estimado aumentam o erro de predição dos valores genéticos. No entanto, para a obtenção dessas estimativas é essencial identificar um método estatístico adequado e que melhor represente o comportamento biológico das características em estudo. Vários procedimentos de estimação dos componentes de (co)variância já foram propostos, ao longo do tempo, para aplicação no melhoramento animal (Faria et al., 2007).

A análise de variância (ANOVA), por ser pouco exigente computacionalmente, foi bastante utilizada para estimar componentes de variância, porém requeria que os dados analisados fossem balanceados. Geralmente em dados de campo, situação bastante comum no melhoramento animal, os dados não são balanceados. Portanto, não têm uma única solução para a soma de quadrados (Magnabosco et al., 2002).

Posteriormente, apresentaram-se as equações dos modelos mistos (EMM) de Henderson (1953) para dados não balanceados, tornando-se conhecidos como métodos I, II e III de Henderson. Os métodos de Henderson, por sua vez, foram empregados nas décadas de 1970, sendo que o método III até finais dos anos 80. Na década de 1980, o método da máxima verossimilhança (ML) passou a ser empregado na estimação de componentes de variância, porém em pequenos conjuntos de dados, uma vez que era mais exigente, computacionalmente, do que os métodos de ANOVA e de Henderson.

Na década de 1980, foi possível a aplicação do método da máxima verossimilhança restrita (REML), sugerido por Patterson & Thompson (1971) e seu uso foi intensificado pela disponibilidade de programas computacionais como o MTDFREML (Boldman et al., 1995). Desde o início da década de 80 e atualmente ainda é o método mais utilizado, para estimação de componentes de (co) variâncias e parâmetros genéticos.

No entanto, métodos bayesianos têm propiciado novas perspectivas a questões relacionadas à estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos.

A Teoria Bayesiana é fundamentada nos trabalhos desenvolvidos por Thomas Bayes em 1761. Gianola & Fernando (1986) propuseram, pela primeira vez, o uso da inferência Bayesiana na área do melhoramento genético animal.

Os primeiros estudos no Brasil envolvendo a utilização do método bayesiano através da Amostragem de Gibbs (GS), em melhoramento genético animal, tiveram início com Magnabosco (1997), utilizando dados de campo de bovinos da raça Nelore, ele obteve as estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos.

Lôbo et al. (1997), analisando dados obtidos dos arquivos do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore, estimaram os componentes de variância e herdabilidades para o peso aos 120 dias de idade, utilizando o método da máxima verossimilhança restrita (REML) e através da Amostragem de Gibbs, utilizando o programa MTGSAM (*Multiple-Trait Gibbs Sampler for Animal Models* ou Modelos Animais com Características Múltiplas usando a Amostragem de Gibbs). Esses autores verificaram valores bem mais altos para a herdabilidade média pelo método bayesiano do que a estimação pontual fornecida pelo método REML.

Os fundamentos 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 (Faria et al., 2007). De acordo com Gianola et al. (1994) as análises Bayesianas permitem calcular a densidade marginal posterior do parâmetro de interesse e com tal distribuição quantifica-se, exatamente, o erro de um parâmetro desconhecido, apresentando maior precisão dos parâmetros estimados.

A inferência Bayesiana utiliza o Teorema de Bayes para atualizar estimativas da probabilidade de que diferentes hipóteses sejam verdadeiras, baseado nas observações e no conhecimento de como essas observações se relacionam com as hipóteses (Sorensen, 1996).

I.I OBJETIVOS

1.1.1 OBJETIVO GERAL

Utilizar a estatística bayesiana para estimar parâmetros genéticos, tendências genéticas e fenotípicas, comparar e identificar o modelo animal que melhor se ajuste para estimar os componentes de (co) variância e parâmetros genéticos das características de desenvolvimento ponderal dos zebuínos da raça Tabapuã, criados no Nordeste do Brasil.

1.1.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- ✓ Estimar os parâmetros genéticos para os pesos ajustados aos 205, 365, e 550 dias de idade;

- ✓ Estimar as tendências genéticas (direta e materna) e fenotípicas para as características avaliadas;

- ✓ Utilizar critério de modelagem para comparação de modelos a fim de identificar o melhor ajustamento de representação dos dados.

II. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 INFERÊNCIA BAYESIANA

A inferência estatística trabalha na presença de observações (**x**), cujos valores inicialmente incertos são descritos por meio de uma distribuição de probabilidade p(**x**|θ). O parâmetro θ (valor desconhecido, a estatística busca investigá-lo para tentar diminuir a incerteza sobre ele) é o que interessa ao pesquisador, e tem um sentido exato dentro da inferência Bayesiana, ou seja, as variâncias dos componentes estudados. O pesquisador deve ter alguma informação prévia sobre θ, e esta informação deve ser incorporada à análise (Sorensen, 1996).

Ao incorporar uma opinião sobre θ à análise, através de uma densidade de probabilidade p(θ), está se denominando a densidade *a priori* que recebe este nome por ser a distribuição de probabilidade de θ antes que se observem os dados.

A densidade conjunta de um grupo de observações **X**(x_1, x_2... x_n) examinada como uma função do parâmetro θ, é denominada função de verossimilhança e é representada por p(x_1, x_2... x_n), sendo n o número de observações.

Se p(θ) é a densidade a *priori* para θ, então a densidade *a posteriori* de θ é dada pelo Teorema de Bayes, ou seja:

$$p(\theta|\mathbf{x}) = \frac{p(x|\theta)p(\theta)}{p(x)}$$

Como p(x) não varia com θ, a densidade *a posteriori* pode ser dada por:

$$p(\theta|\mathbf{x}) \propto p(\mathbf{x}|\theta)\, p(\theta)$$

Em que, p(θ) é a distribuição *a priori* dos possíveis valores de θ, enquanto que p(θ|x) é a distribuição posterior de θ dado a variável aleatória X (Sorensen, 1996).

O Teorema de Bayes pode ser facilmente lembrado como: *Posterior* ∝ *Anterior* x *Verossimilhança*.

Na escola frequentista os fundamentos dos métodos se baseiam em que o valor do parâmetro que se quer estimar é um valor fixo determinado, sendo que, a inferência consiste apenas em observar como se distribuíram as estimativas do parâmetro se a experiência fosse repetida infinitas vezes (Faria, 2003).

A inferência bayesiana leva em conta o conceito de probabilidade. Na prática, a maior diferença é tentar medir o grau de incerteza que se tem sobre a ocorrência de um determinado evento do espaço amostral, utilizando distribuições de probabilidades a *priori* e a amostral (verossimilhança). Na inferência Bayesiana, a incerteza sobre os parâmetros desconhecidos associa-se uma distribuição de probabilidade (Gianola & Fernando, 1986), enquanto que, na inferência frequentista, os parâmetros são valores fixos ou constantes, aos quais não se associam a qualquer distribuição (Blasco, 2001).

Distribuição *a priori*

A distribuição *a priori* pode ser determinada utilizando-se o conhecimento já disponível sobre o parâmetro em questão, através de estudos anteriores. De maneira geral a distribuição *a priori*, é o fator que diferencia os resultados entre a abordagem clássica da abordagem Bayesiana. De fato, é o principal alvo de críticas para muitos estatísticos clássicos que alegam que a informação *a priori* é um processo arbitrário e subjetivo, já que duas análises com diferentes *priori*s podem ter diferentes conclusões sobre um mesmo parâmetro desconhecido. No entanto, estatísticos bayesianos argumentam que a informação *a priori* é realmente subjetiva, porém não é arbitrária, ou seja, diferentes graus de incerteza não impedem que duas análises perante os mesmos parâmetros tenham a mesma evidência final (Oliveira, 2009).

Distribuição *a posteriori*

A *posteriori*, é uma distribuição de probabilidade para o parâmetro desconhecido θ, ou ainda, é a descrição da incerteza sobre o parâmetro depois da amostra ter sido observada. É a partir dela que são feitas as inferências sobre os parâmetros e suas devidas interpretações. A *posteriori* é uma combinação entre *a priori* e a verossimilhança, obtida matematicamente através do Teorema de Bayes.

Amostrador de Gibbs (GS)

O Amostrador de Gibbs (GS) é um método de simulação de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC) que pode ser utilizado para viabilização da inferência bayesiana, em várias áreas do melhoramento animal, conforme descrito por Sorensen et al. (1994); Van Tassel & Van Vleck (1995); Van Tassel & Van Vleck (1996); Magnabosco (1997); Magnabosco et al. (2000); Blasco (2001) e Faria et al.(2007). Trata-se de algoritmos destinados à solução de problemas práticos relacionados à integração numérica da função densidade de probabilidade, impossíveis de serem solucionados por métodos analíticos tradicionais (Resende, 2000), tornando possível obter amostras das distribuições marginais das variáveis aleatórias.

O Amostrador de Gibbs trabalha com processos de aproximação, por meio de amostragem, de valores esperados para cada parâmetro desconhecido no modelo. O ciclo para a geração de cada parâmetro é, então, repetido, atualizando, dessa forma, as distribuições condicionais. A amostragem converge para uma distribuição estacionária (em equilíbrio) e os valores amostrados, após a convergência, são considerados amostras aleatórias da distribuição *a posteriori* (Van Tassel & Van Vleck, 1996). À medida que o número de iterações aumenta, a cadeia se aproxima da condição de equilíbrio. Estas distribuições são usadas para estimar os valores dos parâmetros (Costa, 2008).

Burn-in

Normalmente, a amostragem inicial é baseada na distribuição *a priori* fornecida e ocorre fora da distribuição real dos parâmetros. Por isso, um número significativo de iterações deve ser descartado antes da retirada das amostras a serem consideradas na inferência. Este período de descarte inicial é chamado de *burn-in* e tem por objetivo fazer com que o Amostrador se distancie da *priori* e atinja uma distribuição estacionária do parâmetro (Van Tassell & Van Vleck, 1995).

Amostras sucessivas são correlacionadas entre si, de forma que se torna necessário descartar várias iterações entre cada duas amostras a serem consideradas e a dependência diminui com o aumento da distância entre as iterações, obtendo-se assim independência entre as amostras salvas (Resende, 2000).

Geralmente, amostras muito grandes de *burn-in* (10.000 observações ou mais) são necessárias para a obtenção de resultados que não sejam dependentes dos valores iniciais (Hoeschele, 1991).

Análise da convergência

À medida que o número de iterações aumenta, a cadeia se aproxima da condição de equilíbrio. Dessa forma, é necessário assumir a convergência em uma determinada iteração cuja distribuição esteja próxima da distribuição em equilíbrio, ou seja, após um número suficientemente grande de iterações.

Admite-se convergência quando a série alcança um estado de estacionariedade, equilíbrio, significando que as condicionais completas estão suficientemente próximas das distribuições marginais a *posteriori*, o que pode ser verificado com a utilização de diferentes critérios (Nogueira et al., 2004).

Os métodos comumente utilizados para diagnosticar a convergência são aqueles propostos por Gelman & Rubin (1992), Raftery & Lewis (1992) e Geweke (1992), utilizando o algoritmo implementado no *software* R, por meio do pacote BOA (Bayesian Output Analysis) (Smith, 2005).

2.2 INFERÊNCIA BAYESIANA: ESTUDOS NO MELHORAMENTO GENÉTICO ANIMAL

Em estudos envolvendo curvas de lactação (Rekaya et al., 2000; Jamrozik et al., 2001), o método bayesiano foi utilizado com sucesso uma vez que considera todos os parâmetros como variáveis aleatórias, o que reduz, substancialmente, o número de curvas atípicas. Além disso, esse método requer um número menor de dados de produção por animal, pois os conceitos probabilísticos envolvidos diminuem a dependência do ajuste do modelo em relação ao número de dados utilizados (Goodall & Sprevak, 1985).

A inferência Bayesiana fornece distribuição amostral *a posteriori* de parâmetros (variâncias, covariâncias, correlações genéticas e herdabilidade) e sumários (médias, medianas e modas) de interesse, permitindo a construção de gráficos e de intervalos de alta densidade por meio dos quais é possível analisar a interação genótipo x ambiente (Mascioli et al. 2006).

Paula et al. (2009) avaliaram a existência de interação genótipo × ambiente, via inferência Bayesiana, para a produção de leite corrigida aos 305 dias de lactação (PL305) de 49.676 vacas da raça Holandesa, provenientes de 308 rebanhos distribuídos em sete bacias leiteiras no estado do Paraná. A estimativa de herdabilidade mais alta (0,39) foi obtida para a bacia leiteira do Oeste e a mais baixa (0,23) para a de Carambeí. As correlações genéticas obtidas entre as bacias leiteiras foram baixas (0,09 a 0,57). As correlações de Pearson e de Spearman mais baixas foram obtidas para a bacia leiteira do Oeste do Paraná e variaram de 0,37 a 0,41 e de 0,37 a 0,49, respectivamente, sugerindo que diferentes grupos gênicos estão atuando de maneira diferente em dois ambientes distintos nas bacias leiteiras do estado do Paraná.

Araújo et al. (2009) realizaram estudo para avaliar a presença de heterogeneidade de variância, bem como, o seu impacto sobre a avaliação genética de reprodutores para a produção de leite na raça Pardo-Suíço. Eles utilizaram um modelo animal que incluiu os efeitos fixos de rebanho-ano e estação de parto, efeito linear do período de lactação, linear e quadrático da idade da vaca ao parto, como co-variáveis, além dos efeitos aleatórios de animal e ambiente temporário. Estimaram-se componentes de variância utilizando inferência bayesiana, considerando-se os rebanhos como uma única amostra e assumindo-se a produção de leite em cada nível de produção

como característica diferente. Médias e componentes de variância foram maiores para o nível de alta produção, caracterizando a presença de heterogeneidade de variância entre os rebanhos. As estimativas de herdabilidade foram de 0,21 em ambos os níveis para a produção de leite e de 0,25 e 0,26 para os níveis de alta e baixa produção, respectivamente. As correlações genéticas entre os níveis foram de 0,48, indicando a presença de heterogeneidade de variâncias.

Diaz et al. (2009) investigando o efeito da interação genótipo x ambiente (IGA) sobre o peso ao sobreano (P450), analisaram registros de animais da raça Nelore localizados em cinco estados brasileiros (Goiás, Mato Grosso, São Paulo, Mato Grosso do Sul e Minas Gerais). Através de uma análise multicaracterística, foram obtidos os componentes de (co)variância utilizando inferência Bayesiana, sendo a IGA verificada através da correlação genética. As correlações genéticas foram significativas somente entre os estados Goiás e Mato Grosso, Goiás e Minas Gerais, São Paulo e Minas Gerais e entre Mato Grosso do Sul e Minas Gerais, indicando a existência da interação genótipo x ambiente.

III. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARAÚJO, C. V.; RESENDE, G.S.A.; ARAÚJO, S. I.; RENNÓ, F. P. Interação genótipo x ambiente para produção de leite na raça Pardo Suíço, utilizando-se inferência Bayesiana. **Acta Scientiarum. Animal Sciences,** v. 31, n. 2, p. 205-211, 2009.

BOLDMAN, K. G.; KRIESE, L. A.; VAN VLECK,L. D.; VAN TASSELL, C. P.; KACHMAN, S. D. **A manual for of MTDFREML. A set of Programs to obtain estimates of variances and covariances (DRAFT)**. U.S.: Department of Agriculture, Agricultural Reserch Service, 1995. 115 p.

BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 79, n. 8, p. 2023-2046, Aug. 2001.

COSTA, A. L. L. **Análise genética da taxa de crescimento em músculo e de características de carcaça em um rebanho de suínos Large White.** 2008. 83 p. Dissertação (Mestrado em Produção Animal) - Universidade Federal de Lavras, Lavras.

DIAZ, I.D.P.S. **Interação genótipo – ambiente no peso ao sobreano na raça Nelore**. 2009. 58 f. Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal.

FARIA, C.U. **Inferência Bayesiana no estudo genético quantitativo de características reprodutivas e de crescimento de bovinos da raça Nelore**. Goiânia. 2003. 86p. Dissertação (Mestrado) – Escola de Veterinária. Universidade Federal de Goiás.

FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; REYES, A. L.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F. Inferência Bayesiana e sua aplicação na avaliação genética de bovinos da Raça Nelore: Revisão Bibliográfica.**Ciência Animal Brasileira**, v.8, n.1, p. 75-86, jan./mar. 2007.

GELMAN, A.; RUBIN, D.B. Inference from iterative simulation using multiple sequences. **Statistical Science**, v.7, p.457-511, 1992.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J.M. et al. **Bayesian statistics**. New York: Oxford University, 1992. Cap.4, p.625-631.

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

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

GOODALL, A.E.; SPREVAK, D. A Bayesian estimation of lactation curve of dairy cow. **Animal Production**, v.40, p.189-193, 1985.

HENDERSON, C. R. Estimation of variance and covariance components. **Biometrics**, v. 9, p. 226,1953.

HOESCHELE, I. Additive and non additive genetic variance in female fertility of Holsteins. **Journal of Dairy Science,** Champaign, v. 74, n. 5, p. 1743-1752, May 1991.

JAMROZIK, J.; GIANOLA, D.; SCHAEFFER, L.R. Bayesian estimation of genetic parameters for test day records in dairy cattle using linear hierarchical models. **Livestock Production Science**, v.71, p.223-240, 2001.

LÔBO, R. B.; OLIVEIRA, H. N.; BEZERRA, L. A. F.; MARTINS, E. N.; REYES, A. de los; MAGNABOSCO, C. D. U.; RUSSO, A.R.V. Estimativa de componentes de (co)variância e herdabilidade para o peso aos 120 dias de idade na raça Nelore usando estatística Bayesiana. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34, 1997, Juiz de Fora. **Anais eletrônicos**... Juiz de Fora: SBZ, 1997. CD-ROM

MAGNABOSCO, C. D U. **Estimativas de parâmetros genéticos em características de crescimento de animais da raça Nelore usando os métodos de máxima verossimilhança restrita e amostragem Gibbs**. 1997. 89 f. Tese (Doutorado em Ciências Biológicas) – Faculdade de Medicina, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto.

MAGNABOSCO, C. D. U.; LÔBO, R. B.; FAMULA, T. R. Bayesian inference for genetic parameter estimation on growth traits for Nellore cattle in Brazil, using the Gibbs sampler. **Journal of Animal Breeding and Genetics,** Berlin, v. 117, n. 3, p. 169-188, 2000.

MAGNABOSCO, C.D.U.; FARIA, C.U.; REYES,A. de los.; LÔBO, R.B.; SAINZ, R.D.**Implementação da amostragem de Gibbs na estimação de componentes de (co)variância parâmetros genéticos em dados de campo de bovinos Nelore**. Planaltina:Embrapa Cerrados, 2002.v. 1. 46 p. [Boletim de Pesquisa].

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

NOGUEIRA, D. A. SÁDAFI, T.; FERREIRA, D.F. Avaliação de critérios de convergência para o método de Monte Carlo via Cadeias de Markov. **Revista Brasileira de Estatística**, Rio de Janeiro, v.65, n.24, p.59-88, 2004.

OLIVEIRA, M. S. Comparações Múltiplas Bayesianas com Erro Normal Assimétrico. Lavras. Minas Gerais, 2009.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unuqual. **Biometrika**, London, v. 58, n. 3, p. 545-554, 1971.

PAULA, M. C.; MARTINS, E. N.; SILVA, L. O.; OLIVEIRA, C. A. L. Interação genótipo × ambiente para produção de leite de bovinos da raça Holandesa entre bacias

leiteiras no estado do Paraná. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.3, p.467-473, 2009.

RAFTERY, A. L.; LEWIS, S. One long run with diagnostics: implementation strategies 474 for Markov chain Monte Carlo [Comment]. **Statistical Science**, Hayward, v. 7, n. 4, p. 475 493-497, 1992.

RESENDE, M. D. V. **Inferência Bayesiana e simulação estocástica (amostragem de Gibbs) na estimação de componentes de variância e de valores genéticos em plantas perenes.** Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 68p. (Documentos, 46).

REKAYA, R.; CARABÃNO, M.J.; TORO, M.A. Bayesian analysis of lactation curves of Holstein-Friesian cattle using a nonlinear model. **Journal of Dairy Science**, v.83, p.2691-2701, 2000.

SMITH, B.J. [2005]. **Bayesian output analysis program (BOA) for MCMC**. Disponível em: <http://www.public-health.uiowa. edu/boa/boa>. Acesso em: 14/09/2012.

SORENSEN, D. A. **Gibbs sampling in quantitative genetics.** Danish: Department of Breeding and Genetics, 1996. (Intern Report, 82).

SORENSEN, D. A.; WANG, C. S.; JENSEN, J.; GIANOLA D. Bayesian analysis of genetic change due to selection using Gibbs sampling. **Genetics Selection Evolution,** Paris, v. 26, n. 4, p. 333-360, Apr. 1994.

VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D. **A manual for use of MTGSAM:** a set of fortran programs to apply Gibbs Sampling to animal models for variance component estimation. Lincoln: U.S. Department of Agriculture, Agricultural Service, 1995. 85p.

VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D . Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. **Journal of Animal Sciences,** Champaign, v. 74, n. 11, p. 2586-2597, Nov. 1996.

CAPÍTULO I- RESUMO

OLIVEIRA, A.P. **Inferência bayesiana na predição de parâmetros genéticos em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste Brasileiro.** Itapetinga-Ba: UESB, 2013. (70 p.) (Tese – Doutorado em Zootecnia, Área de concentração em Produção de Ruminantes).*

Objetivou-se estimar componentes de (co)variância, parâmetros genéticos e valores genéticos para os pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365), 550 (P550) dias de idade e comparar modelos a fim de identificar qual deles ajustou melhor os dados , em animais da raça Tabapuã , criados a pasto no Nordeste do Brasil. Foram utilizadas informações de bovinos nascidos no período de 1975 a 2007 provenientes do controle de desenvolvimento ponderal da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ). Os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos foram estimados, através da abordagem bayesiana, em análises uni e bicaracterísticas, utilizando-se o programa GIBBS3F90. Adotou-se o critério do Fator de Bayes (FB) para comparar o modelo completo, que incluiu o efeito genético aditivo direto e materno, efeito de ambiente permanente e residual, com os demais modelos que incluíam ou não o efeito genético materno e o de ambiente permanente. Os valores dos coeficientes de herdabilidades para os efeitos genéticos diretos, utilizando o modelo completo, foram 0,19; 0,27 e 0,21, para P205, P365 e P550, respectivamente. As tendências genéticas (regressão linear) de efeito direto foram significativas para as características P205, P365 e P550, correspondendo a incrementos de 2,67Kg; 7,35 Kg e 8,32 Kg, respectivamente, durante os 32 anos avaliados. As tendências genéticas para o efeito materno não foram significativas para nenhumas das características estudadas. As tendências fenotípicas foram significativas apenas para as características P205 e P365 correspondendo a incrementos de 26,82 Kg e 22,42 Kg, respectivamente, durante o período analisado. As correlações genéticas entre o peso aos 205, 365 e 550 dias de idade foram de alta magnitude (P205P365=0,90; P205P550=0,90 e P365P550=0,98). A não inclusão do efeito de ambiente permanente no modelo, superestimou a variância genética aditiva materna: 122,21 (P205); 262,47 (P365); 296,16 (P550) e, consequentemente, os valores da herdabilidade materna: 0,21 (P205); 0,20 (P365) e 0,14 (P550). Para o modelo que não incluiu a variância genética aditiva materna e a variância do efeito de ambiente permanente ficou evidenciado o valor superestimado da variância genética aditiva, fato que influenciou o valor da herdabilidade direta: 0,43 (P205); 0,39 (P365) e 0,33 (P550). Observou-se pequeno progresso genético no período de 1975 a 2007 para as características P205, P365 e P550. É possível obter ganhos genéticos, via resposta correlacionada, para os pesos aos 365 e 550 dias de idade ao selecionar para P205. O modelo completo proporcionou melhor ajuste para estimativa dos parâmetros genéticos para as características P205 e P365. Para a característica P550 o modelo que proporcionou o melhor ajuste foi o que não incluiu o efeito de ambiente permanente.

Palavras-chave: correlação genética, ganho genético, herdabilidade, tendência genética, zebu

---

* Orientador: Paulo Luiz Souza Carneiro, D.Sc., UESB e Co-orientadores: Carlos Henrique Mendes Malhado, D.Sc., UESB e Leandro Teixeira Barbosa, D.Sc., UFS

ABSTRACT

OLIVEIRA, A.P. **Bayesian inference in the prediction of genetic values in Brazilian Northeast Tabapuã cattle.** Itapetinga-Ba: UESB, 2013. (70 p.) (Thesis – Doctorate Degree in Animal Science, Major in Ruminant Production).*

The objective was to estimate the (co)variance components, genetic parameters and genetic values for the adjusted weights at 205 (W205), 365 (W365) and 550 (W550) days of age and to compare models to identify the best fitting model to represent the data, in Tabapuã animals reared on pasture in the Brazilian northeast. Information of cattle born in the period from 1975 to 2007 originally from the weight-development-control system of the Brazilian Association of Zebu Farmers (*Associação Brasileira de Criadores de Zebu*, ABCZ) was used. The (co)variance components and genetic parameters were estimated by the Bayesian approach, in single- and two-trait analysis, using the GIBBS3F90 software. The Bayes factor (BF) criterion was adopted to compare the complete model, which included the additive genetic direct and maternal effects, permanent environmental and residual effects and the other models that did or did not include the maternal genetic effect and the permanent environmental effect. The heritability coefficients for the direct genetic effects, utilizing the complete model, were 0.19, 0.27 and 0.21 for W205, W365 and W550, respectively. Genetic trends (linear regression) of direct effect was significant for the W205, W365 and W550 features, corresponding to increments of 2.67 kg, 7.35 kg and 8.32 kg, respectively, during the 32 years evaluated. Genetic trends for maternal effects were not significant for any of the traits. Phenotypic trends were significant only for W205 and W365 characteristics corresponding to increments of 26.82 kg and 22.42 kg, respectively. The genetic correlations between weight at 205, 365 and 550 days of age were of high magnitude (P205P365 = 0.90, = 0.90 and P205P550 P365P550 = 0.98).). The non-inclusion of the permanent environmental effect in the model overestimated the maternal additive genetic variance: 122.21 (W205), 262.47 (W365), 296.16 (W550) and, consequently, the maternal heritability values: 0.21 (W205), 0.20 (W365) and 0.14 (W550). For the model that did not include the maternal additive genetic variance, the overestimated value of the additive genetic variance was evident, and this influenced the direct heritability value: 0.43 (W205); 0.39 (W365) and 0.33 (W550). There was little genetic progress in the period 1975 to 2007 for W205, W365 and W550 features. You can obtain genetic gains via correlated response to the weights at 365 and 550 days old when selecting for W205. The full model provided the best fit to estimate the breeding value for W205 and W365 characteristics parameters. For trait W550, the model that provided the best fit was the one that did not include the effect of permanent environment.

Keywords: genetic correlation, genetic gain, heritability, genetic tendency, zebu

---

* Advisor: Paulo Luiz Souza Carneiro, D.Sc., UESB; Co-advisors: Carlos Henrique Mendes Malhado, D.Sc., UESB and Leandro Teixeira Barbosa, D.Sc., UFS.

CAPÍTULO I

INFERÊNCIA BAYESIANA NA PREDIÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM BOVINOS DA RAÇA TABAPUÃ DO NORDESTE BRASILEIRO

1. INTRODUÇÃO

O Tabapuã é uma raça brasileira fruto de cruzamentos entre o gado mocho nacional e animais de origem indiana. Foi na década de 40, no município de Tabapuã (SP), que a raça assumiu algumas das características que perduram até hoje. Mas sua história começa em 1907 na região de Leopoldo de Bulhões, no estado de Goiás. Em 1970, o Ministério da Agricultura recomendou que o Tabapuã fosse incluído entre as raças zebuínas, ainda como "tipo". A Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), então, foi encarregada de realizar o registro genealógico da espécie. Em 1981 foi definitivamente reconhecido como raça. O terceiro neozebuíno a ser formado no mundo, depois do Brahman e do Indubrasil (ABCT, 2013).

A seleção é o principal método, dentro de um programa de melhoramento, utilizado para escolher os melhores animais para a reprodução. A avaliação genética depende de estimativas de parâmetros genéticos acuradas para as características de crescimento. A acurácia da estimativa desses parâmetros depende, principalmente, do número de informações utilizadas na análise, o modelo estatístico escolhido e o método de estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos das características estudadas.

Vários estudos envolvendo diversos métodos e modelos para estimação dos componentes de variância e parâmetros genéticos foram realizados ao longo do tempo sendo o método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), desenvolvido por Patterson & Thompson (1971), o mais utilizado para estimar componentes de (co)variância. No entanto, métodos bayesianos têm propiciado novas perspectivas a questões relacionadas à estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos.

A ideia da inferência bayesiana é combinar a informação *a priori* e a função de verossimilhança. Esta combinação é feita através do Teorema de Bayes, originando a distribuição *a posterior*.Contudo, a maioria dos trabalhos referentes à inferência bayesiana, no Brasil, abordam somente os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos, não considerando os valores genéticos para a estimação dos ganhos genéticos através das tendências. Sendo assim, o objetivo desse estudo foi estimar parâmetros genéticos, tendências genéticas, maternas e fenotípicas utilizando o método bayesiano através do programa GIBBS3F90 e identificar o melhor ajuste de modelo em características produtivas de animais da raça Tabapuã criados no Nordeste do Brasil.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados foram provenientes do controle de desenvolvimento ponderal da Raça Tabapuã, da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), criados no Nordeste do Brasil. Foram utilizadas informações de pedigree de bovinos nascidos no período de 1975 a 2007 e dados dos pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade. (Tabela 1). Ressalta se que foram utilizados somente animais de regime alimentas criados a pasto.

Tabela1: Número de observações e número de grupos contemporâneos (GC) para os pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade, em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil.

Características (Kg)	Nº de observações	Nº GC
P205	14342	2200
P365	10033	1485
P550	7824	1199

2.1 Grupo de contemporâneos (GC)

Para estimar os parâmetros genéticos, formaram-se os grupos de contemporâneos (GC), considerando quatro épocas de nascimento: janeiro a março, abril a junho, julho a setembro e outubro a dezembro. Os grupos de contemporâneos constituíram-se de animais do mesmo sexo (sex), ano (an), época de nascimento (ep), condição de criação (cc) e fazenda (f).

Composição dos grupos de contemporâneos (GC):

$$GC = sex + an + ep + cc + f$$

Para edição do banco de dados, análise descritiva e remoção dos erros provenientes de escrituração zootécnica, erros de medição na coleta dos dados, digitação de dados incorretos, foi utilizado o programa *Statistical analysis Software* (SAS).

2.2 Estimação dos componentes de (co)variância e valores genéticos

Os componentes de (co) variâncias e predição dos parâmetros genéticos foram estimados, através da abordagem bayesiana, em análises uni e bicaracterísticas, utilizando-se o programa GIBBS3F90 descrito por Misztal, (2012). As densidades marginais dos componentes de (co)variância genéticas foram estimados por meio de métodos Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC) a partir das amostras geradas pelo Amostrador de Gibbs. Utilizando o arquivo resposta *postgibbs_sample*, gerado pelo programa POSTGIBBSF90, rodou-se uma amostra piloto com 100.000 iterações (cadeias), 10.000 de descarte (*burn-in*) e 1 para o intervalo de salvamento (*thinning*) para todas as características.

2.3 Tendências genéticas, maternas e fenotípicas

As estimativas das tendências genéticas, maternas e fenotípicas para as características avaliadas foram obtidas pela regressão linear ponderada da média da variável dependente (valores genéticos e pesos observados) sobre o ano de nascimento do animal, obtidas pelo procedimento PROC REG do SAS (SAS, 2002), a partir dos arquivos de saída do POSTGIBBS_SAMPLES/POSTGIBBSF90 (GIBBS3F90), utilizando-se a seguinte equação:

$$Y = b + b1x + e$$

Em que,

Y= valor genético para as características avaliadas;

b= intercepto;

b1= coeficiente angular da reta;

x= ano de nascimento;

e= erro aleatório.

2.4 Critério de Convergência

Para definir a quantidade ideal de iterações necessárias foi utilizado o critério de Raftery e Lewis (1992) em amostras piloto e a partir dessas informações determinou-se o novo tamanho da cadeia, o intervalo de salvamento (*thinning*) e o período de burn-in (Tabela 02).

A convergência da cadeia de Gibbs para as amostras sugeridas pelo teste de Raftery e Lewis foi verificada através do critério de Geweke, baseado no teste de igualdade de médias da primeira e última parte da cadeia de Markov (geralmente dos primeiros 10% e dos últimos 50%). A convergência foi verificada a um nível de significância de 5% para o teste, sob hipótese nula H_0. Neste caso, o teste considera H_0 como convergência da cadeia, quanto maiores os valores de p-value (acima de 0,05) mais próximos da convergência está a cadeia (Geweke, 1992). Para visualização da convergência das cadeias utilizou-se o gráfico de traço gerado pelo Plot gráficos do *software* R (R Development Core Team, 2008)

Os testes de Raftery e Lewis e de Geweke foram realizados pelo pacote estatístico do *software* R - Bayesian Output Analysis - BOA (Smith, 2005).

Além dos testes de convergência verificados, o pacote estatístico BOA também forneceu os valores do intervalo de credibilidade (IC) a 95% para os componentes de (co) variância.

Tabela 2: Definição do número total de iterações, descarte e salvamento para as características de crescimento após teste de convergência.

Características	Cadeias	Burn-in	Thin	Total de amostras
P205 (Kg)	330.000	30.000	15	20.000
P365 (Kg)	220.000	20.000	11	18.182
P550 (Kg)	550.000	50.000	22	22.728

O estimador Kernel (disponível no software SAS 2002) foi utilizado para gerar os gráficos da distribuição posterior dos componentes de variância com base na saída (postgibbs_samples) do programa (POSTGIBBSF90). Esta mesma saída também foi trabalhada em Excel para calcular as estimativas dos parâmetros genéticos.

2.5 Correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente

As correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente foram obtidas por meio das análises bicaracterísticas, através da abordagem bayesiana, utilizando-se o programa GIBBS3F90 descrito por Misztal, (2012).

2.6 Seleção do Modelo

Para escolha do modelo de melhor ajuste foi adotado o critério do Fator de Bayes (FB). Os valores do Fator de Bayes (FB) foram obtidos pelo valor do logarítmo da função de verossimilhança (-2 Log L), através do programa POSTGIBBSF90, após a geração das distribuições *a posteriori*. Menores valores para o FB são os mais indicados, pois sugerem melhor ajustamento dos modelos (Cardoso, 2008).

Foram utilizados os seguintes modelos:

Modelo animal 1 (MA1): efeito genético aditivo direto e materno, efeito de ambiente permanente e residual (Modelo completo);

Modelo animal 2 (MA2): efeito genético aditivo direto e materno e residual;

Modelo animal 3 (MA3): efeito genético aditivo direto e residual;

Os modelos propostos são representados, matricialmente, das seguintes formas:

MA1: $y = X\beta + Za + Mn + Wep + e$

MB2: $y = X\beta + Za + Mn + e$

MB3: $y = X\beta + Za + e$

Em que:

y = vetor de observações da característica avaliada (P205, P365 e P550);

β = vetor de efeitos fixos no modelo, associados a y através da matriz de incidência de X;

a = vetor dos efeitos aleatórios de valor genético aditivo direto do animal, associados a y através da matriz de incidência Z;

m = vetor dos efeitos aleatórios de valor genético aditivo materno, associados a y através da matriz de incidência M;

ep = vetor dos efeitos aleatórios de ambiente permanente da vaca, associados a y através da matriz de incidência W;

e = vetor dos efeitos residuais.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias dos pesos dos animais da raça Tabapuã (Tabela 3) para as três características de crescimento P205, P365 e P550, estão acima das médias observadas por Ferraz Filho et al. (2002), estudando animais da raça Tabapuã em diversas regiões brasileiras (P205: 170,30 ± 24,51 Kg; P365: 222,40 ± 36,29 Kg e P550: 286,45 ± 55,41 Kg). Ribeiro et al. (2007), estudando animais da raça Tabapuã em São Paulo obtiveram valores de P205 (172,50 ± 21,60); P365 (221,90 ± 29,80) e P550 (281,30 ± 37,90) e Caires et al. (2012) estudando animais da raça Tabapuã no Nordeste do Brasil, para P205 (173,84 ± 29,61); P365 (232,88 ± 42,64) e P550 (302,27 ± 59,56).

Tabela 3: Estatísticas descritivas para os pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade, em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil.

Características (Kg)	Nº de observações	Média	DP	CV%	Mínimo	Máximo
P205	14342	175,71	30,59	17,43	86	274
P365	10033	241,64	48,86	20,22	127	438
P550	7824	320,93	69,90	21,78	166	569

DP= Desvio Padrão; CV % = Coeficiente de Variação.

A variação entre as médias de peso em uma mesma raça pode ser resultante da variação genética, manejo alimentar, reprodutivo e sanitário, adotado em cada região e fazenda, bem como, dos programas de seleção e melhoramento genético adotado. As médias observadas neste trabalho demonstram que houve um bom desempenho dos animais avaliados, apesar das peculiaridades da região Nordeste do Brasil.

Tabla 4: Estimativas dos componentes de (co)variância para o peso ajustado aos 205 (P205) dias de idade, obtidas em análise de característica única, em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil.

	Média(Kg)	**Mediana(Kg)**	**Moda(Kg)**	**DP(Kg)**	**IC (95%)**
σ^2a	108,20	106,90	103,10	19,57	72,12 a 147,20
σ^2m	79,53	78,78	100,30	17,31	46,10 a 112,50
σam	-30,88	-30,21	-31,09	15,02	-61,22 a -2,85
σ^2ep	38,40	38,66	39,12	10,83	16,46 a 58,51
σ^2e	324,36	324,80	320,30	12,08	300,10 a 347,20
σ^2p	550,49	549,67	550,68	19,13	514,01 a 589,17

Tabela 5: Estimativas dos componentes de (co)variância para o peso ajustado aos 365 (P365) dias de idade, obtidas em análise de característica única, em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil.

	Média(Kg)	**Mediana(Kg)**	**Moda(Kg)**	**DP(Kg)**	**IC (95%)**
σ^2a	355,56	353,00	376,10	60,10	239,80 a 472,90
σ^2m	185,14	181,60	160,10	49,68	93,42 a 279,90
σam	-120,46	-119,40	-121,30	45,78	-211 a -34,80
σ^2ep	69,85	68,84	103,90	29,12	16,47 a 129,60
σ^2e	706,73	707,30	715,90	36,03	636,50 a 776,80
σ^2p	1317,28	1315,30	1317,24	57,39	1210 a 1430,91

Tabela 6: Estimativas dos componentes de (co)variância para o peso ajustado aos 550 (P550) dias de idade, obtidas em análise de característica única, em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil.

	Média(Kg)	**Mediana(Kg)**	**Moda(Kg)**	**DP(Kg)**	**IC (95%)**
σ^2a	457,34	450,20	460,50	99,51	270,10 a 656,70
σ^2m	222,87	220,10	260,20	78,56	85,16 a 378,50
σam	-98,72	-96,42	-109,20	78,66	-251,20 a 59,33
σ^2ep	79,78	74,07	114	50,92	1,04 a 173,60
σ^2e	1365,09	1366	1384	64,22	1237 a 1488
σ^2p	2125,09	2120,63	2188,60	96,75	1932,4 a 2310,63

σ^2a = variância genética aditiva direta; σ^2m = variância genética aditiva materna; σam= covariância genética entre os efeitos aditivos direto e materno, σ^2ep = variância de ambiente permanente; σ^2e = variância residual; σ^2p = variância fenotípica; DP= desvio padrão; IC=Intervalo de credibilidade.

As estimativas das variâncias genéticas aditivas diretas 108,20 Kg (P205), 355,56 Kg (P365) e 457,34 Kg (P550) aumentaram com a idade e correspondem a 19,6%, 27% e 21,52% da variação fenotípica total (Tabelas 4, 5 e 6). Ferraz Filho et al. (2002) relataram 67,24; 121,94 e 225,06; Ribeiro et al. (2007), observaram 63,17; 93,46 e 150,30 e Caires et al. (2012) encontraram 104, 89; 227, 55 para P205, P365 e P550, respectivamente. Ressalta-se que todos os autores citados anteriormente utilizaram o método da máxima verossimilhança restrita (REML) para estimar os componentes de variância.

Os valores estimados para a variância genética aditiva direta indicam que o rebanho apresenta variabilidade genética que pode ser explorada por seleção podendo resultar em melhor desempenho médio da população, promovendo progresso genético nas características de crescimento ao longo dos anos.

As estimativas da variância genética aditiva materna foram 79,53 Kg (P205), 185,14 Kg (P365) e 222,87 Kg (P550) que aumentaram com a idade e correspondem a 14,4%, 14,05% e 10,49% da variação fenotípica total (Tabelas 4, 5 e 6). Segundo Holanda et al. (2004) o peso a desmama (P205) é uma medida da produção anual da vaca de corte e serve para indicar sua habilidade materna, sendo de grande importância na exploração, pois os ganhos de peso alcançados à desmama são de menor custo do que os obtidos em idades mais avançadas. Aos 365 dias de idade, supõe-se que o bezerro seja totalmente independente na sua alimentação, mas isso muitas vezes não acontece principalmente nas condições de criação do Nordeste, onde os animais são criados extensivamente e o desmame acontece naturalmente. . Assim, o desempenho do bezerro recebe ainda a influência do efeito materno (Biffani et al., 1999). Existem poucos trabalhos incluindo peso aos 550 dias para estudo do efeito materno por acreditar-se que, nessa fase da vida do animal, já não exista influência materna sobre o crescimento e que somente o efeito aditivo direto influencie na expressão desta característica.

As (co) variâncias entre o efeito genético aditivo direto e materno encontradas foram negativas para as três pesagens, com valores de -30,88 (P205), -120,10 (P365) e -98,72 (P550) (Tabelas 4, 5 e 6). Bolignon et al., (2012), concluíram que problemas na estruturação de dados e insuficiência do pedigree, geram estimativas tendenciosas para os componentes de (co) variância, ocasionando principalmente valores negativos para a

covariância entre os efeitos genéticos diretos e maternos e consequentemente para o parâmetro genético que correlaciona estes dois efeitos (r_{Gam}).

Foram observados para variância de ambiente permanente 38,4 (P205), 69,85 (P365) e 79,78 (P550), que correspondem a 6,98%, 5,30% e 3,75% da variação fenotípica total.

Notou-se que o peso aos 550 dias (P550) foi o que apresentou maior participação do componente de variância residual 1365,09 representando 64,24% da variação fenotípica total, seguido pelo P(205) 58,92% e (P365) 53,65%.

Tabela 7: Estimativas dos parâmetros genéticos do peso ajustado aos 205 (P205) dias de idade, obtidas em análise de característica única, em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil.

	Média	**Mediana**	**Moda**	**DP**	**IC (95%)**
h^2d	0,19	0,19	0,19	0,03	0,13 a 0,25
h^2m	0,14	0,14	0,14	0,03	0,10 a 0,21
r_{Gam}	-0,32	-0,33	-0,35	0,13	-0,57 a -0,09

Tabela 8: Estimativas dos parâmetros genéticos do peso ajustado aos 365 (P365) dias de idade, obtidas em análise de característica única, em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil.

	Média	**Mediana**	**Moda**	**DP**	**IC (95%)**
h^2d	0,27	0,27	0,27	0,04	0,20 a 0,34
h^2m	0,14	0,14	0,13	0,03	0,08 a 0,20
r_{Gam}	-0,46	-0,47	-0,52	0,12	-0,68 a -0,22

Tabela 9: Estimativas dos parâmetros genéticos do peso ajustado aos 550 (P550) dias de idade, obtidas em análise de característica única, em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil.

	Média	**Mediana**	**Moda**	**DP**	**IC (95%)**
h^2d	0,21	0,21	0,21	0,04	0,14 a 0,29
h^2m	0,10	0,10	0,11	0,03	0,04 a 0,16
r_{Gam}	-0,28	-0,31	-0,43	0,22	-0,67 a -0,15

h^2d = herdabilidade direta; h^2m = herdabilidade materna; r_{Gam}= correlação genética entre os efeitos aditivos direto e materno; DP= desvio padrão; IC=Intervalo de credibilidade..

Os valores dos coeficientes de herdabilidade direta e erro padrão para os efeitos genéticos diretos foram 0,19 ± 0,03; 0,27 ± 0,04 e 0,21 ± 0,04, para P205, P365 e P550, respectivamente (Tabelas 7, 8 e 9). Ferraz Filho et al. (2002) relataram 0,16; 0,17 e 0,13; Ribeiro et al. (2007), observaram 0,20; 0,21 e 0,17 , Pereira et al. (2005) relataram 0,16; 0,25 e 0,29 e Caires et al. (2012) encontraram 0,21; 0,26 e 0,36 para P205, P365 e P550, respectivamente. A variabilidade genética aditiva existente pode ser explorada com expectativa de êxito, principalmente, para a característica peso aos 365 dias de idade, peso em que apresentou maior herdabilidade direta (Tabela 08), assim selecionar os animais nesta idade seria melhor do que a 550 dias, o que permitiria inclusive realizar a seleção precocemente.

O componente materno é relativo aos efeitos dos genes da mãe para habilidade materna, principalmente para a produção de leite, que influenciam o desempenho dos bezerros por meio do ambiente oferecido por ela. Os valores dos coeficientes de herdabilidade materna e erro padrão para os efeitos genéticos diretos foram P205 (0,14 ± 0,03), P365 (0,14 ± 0,03) e P550 (0,10 ± 0,03) (Tabelas 7, 8 e 9). Ferraz Filho et al. (2002) relataram valores de 0,10; 0,03 e 0,03; Ribeiro et al. (2007) observaram estimativas de 0,17; 0,06 e 0,01 e Caires et al. (2012) encontraram estimativas de 0,13; 0,05 e 0,02 para P205, P365 e P550, respectivamente.

As correlações genéticas entre os efeitos aditivos direto e materno foram iguais a -0,32 ± 0,13 (P205); -0,46 ± 0,12 (P365) e -0,28 ± 0,22 (P550) (Tabelas 7, 8 e 9). Estudos na literatura descrevem correlações de médias a altas e negativas entre estes efeitos, conforme verificado por Pimenta Filho et al. (2001) que obtiveram valores de -0,68; -0,48 e -0,74 para P205, P365 e P550, respectivamente; Ribeiro et al. (2001) -0,70 (P205); -0,74 (P365) e -1,0 (P550) e Sarmento et al. (2003) -0,77 (P205); -0,24 (P365) e -0,44 (P550). Cardoso et al. (2001) e Ribeiro et al. (2001) afirmam que os valores negativos encontrados para esta correlação estão relacionados mais à inadequação dos dados a metodologias e modelos adotados para as análises que propriamente a causas biológicas.

A seleção de animais com potencial genético para características de crescimento é frequentemente adotada dentro dos programas de melhoramento animal. Uma das maneiras de se avaliar o progresso genético, para cada característica, é através do cálculo da tendência genética da população (Tabela 10), quantificando quanto da variação anual do rebanho tem origem genética.

Tabela 10: Equações de regressão para os efeitos genético, materno e fenotípico para os pesos aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil.

Característica	Equação	R^2	p-valor *
Genético			
P205	Y= -164,43+0,0834*ano	0,25	0,0031
P365	Y= - 54,95+0,2296*ano	0,57	0,0001
P550	Y= -515,58+0,2601*ano	0,62	0,0001
Materno			
P205	Y= -4,4553+0,0073*ano	0,0038	0,7337
P365	Y= -4,8227+0,0428*ano	0,079	0,1198
P550	Y=-55,8039 +0,0284*ano	0,052	0,2116
Fenotípico			
P205	Y= - 1497,36+0,8383*ano	0,56	0,0001
P365	Y= -159,91+0,7011*ano	0,22	0,0067
P550	Y= 582,412-0,1333*ano	0,0034	0,7495

R^2= coeficiente de determinação; p-valor= significativo a 1% (*).

Para a característica P205, a tendência genética (regressão linear) de efeito direto foi significativa (p<0,0001) e igual a 0,0834 kg/ano, que equivale a 2,67 kg durante os 32 anos avaliados (Figura 7). Em termos de mudança genética anual, representa incremento de 0,05% na média do peso por ano. Essa tendência foi inferior à encontrada por Ferraz Filho et al. (2002), que verificaram ganho genético direto de 0,134 kg/ano em bovinos Tabapuã em todo o Brasil e superior a Caires et al. (2012) que encontraram ganho genético de 0,051 kg/ano.

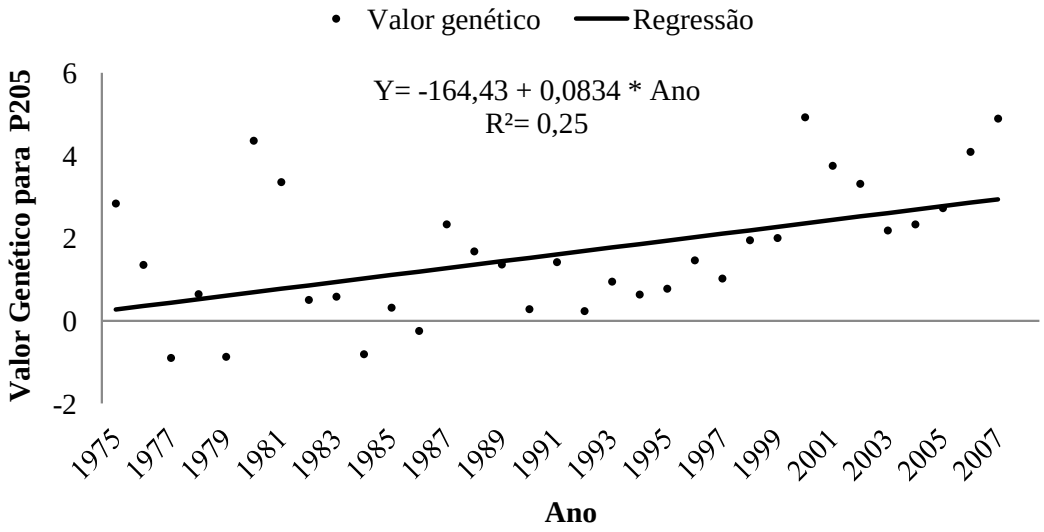

Figura 1. Tendência genética para a característica P205 em animais da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil, no período de 1975 a 2007.

Para a característica P365, a tendência genética (regressão linear) de efeito direto foi significativa (p<0,0001) e igual a 0,2296 kg/ano, que equivale a 7,35 kg durante os 32 anos avaliados (Figura 8). Em termos de mudança genética anual, representa incremento de 0,09 % por ano. Ferraz Filho et al. (2002), estudando a mesma raça, constataram ganho de 0,21 kg/ano e Caires et al. (2012) encontraram ganho de 0,125 kg/ano.

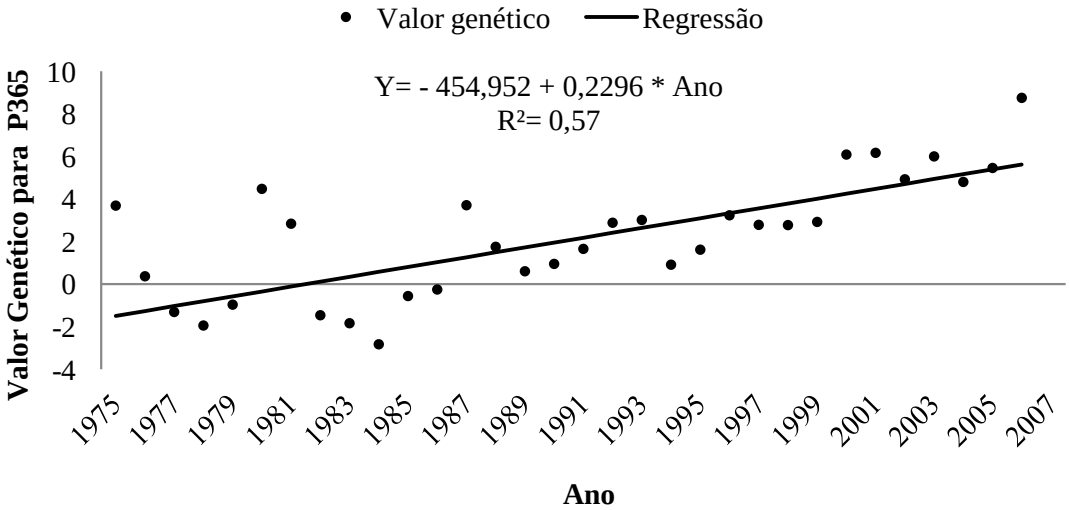

Figura 2. Tendência genética para a característica P365 em animais da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil, no período de 1975 a 2007.

Para a característica P550, a tendência genética (regressão linear) de efeito direto foi significativa (p<0,0001) e igual a 0,2601 kg/ano, que equivale a 8,32 kg durante os 32 anos avaliados (Figura 9). Em termos de mudança genética anual, representa incremento de 0,08 % por ano. A tendência genética encontrada no presente estudo corrobora com as encontradas por Ferraz Filho et al. (2002) que observaram ganho genético de 0,275 kg/ano. Entretanto, Caires et al. (2012) encontraram ganho genéticos inferiores (0,204 kg/ano).

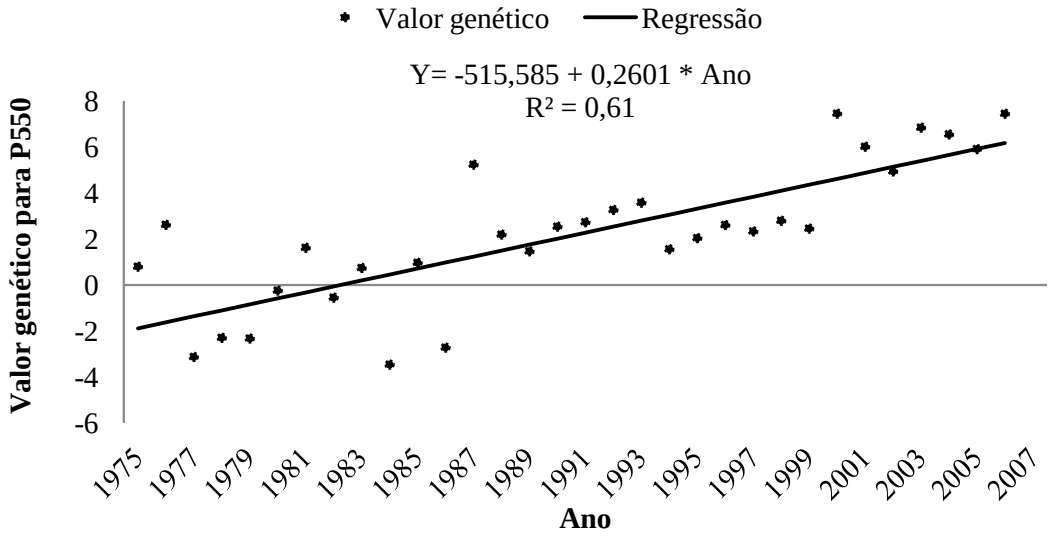

Figura 3. Tendência genética para a característica P550 em animais da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil, no período de 1975 a 2007.

Os resultados obtidos neste trabalho, mesmo que em pequenas magnitudes, demonstram tendências genéticas positivas para as características estudadas, indicando que houve progresso genético para as características de crescimento na raça Tabapuã da região Nordeste, durante o período avaliado (32 anos).

As tendências genéticas para os efeitos maternos (regressão linear) não foram significativas (p>0,05) para as características P205 (0,2336 kg/ano) (Figura 10), P365 (1,37 kg/ano) (Figura 11) e P550 (0,91 kg/ano) (Figura 12).

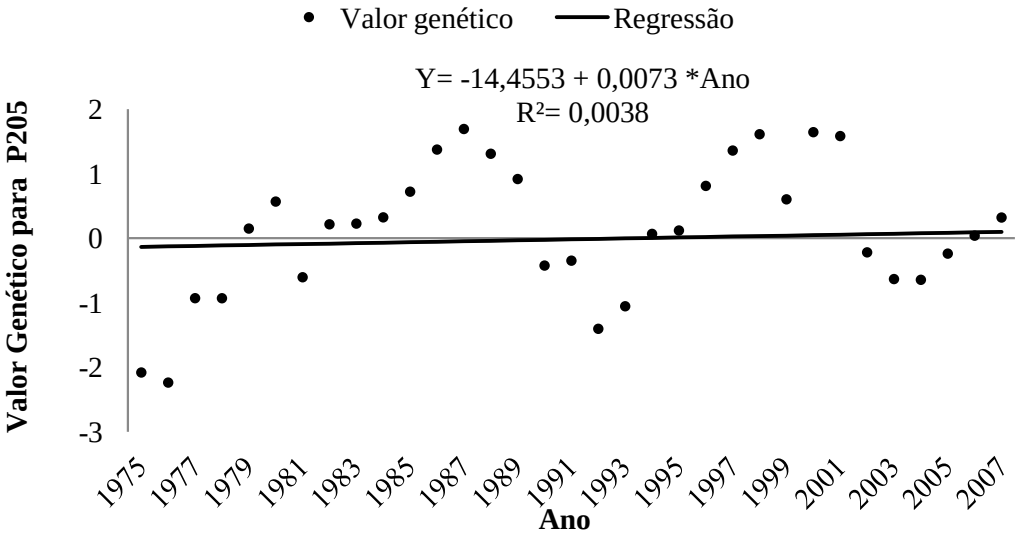

Figura 4. Tendência genética para o efeito materno para a característica P205 em animais da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil, no período de 1975 a 2007.

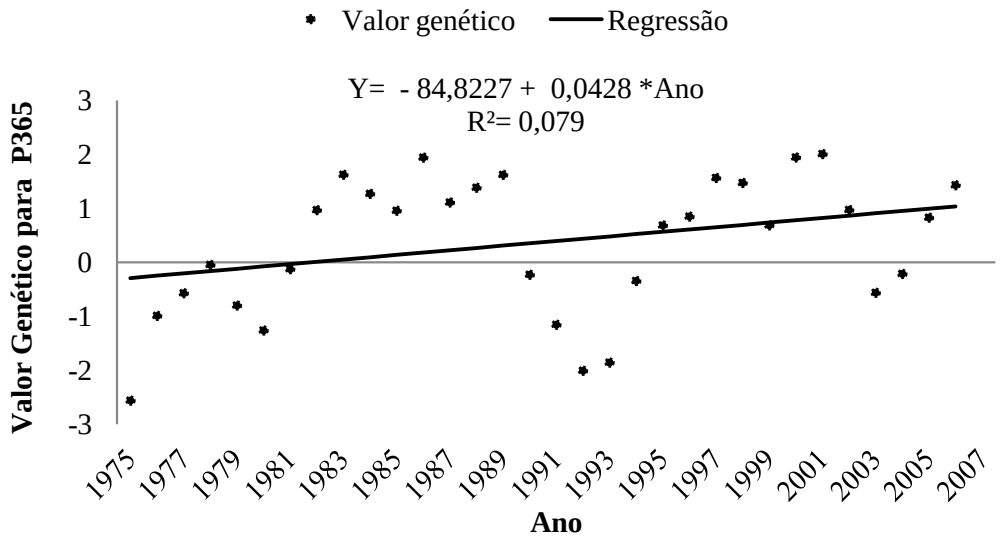

Figura 5. Tendência genética para o efeito materno para a característica P365 em animais da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil, no período de 1975 a 2007.

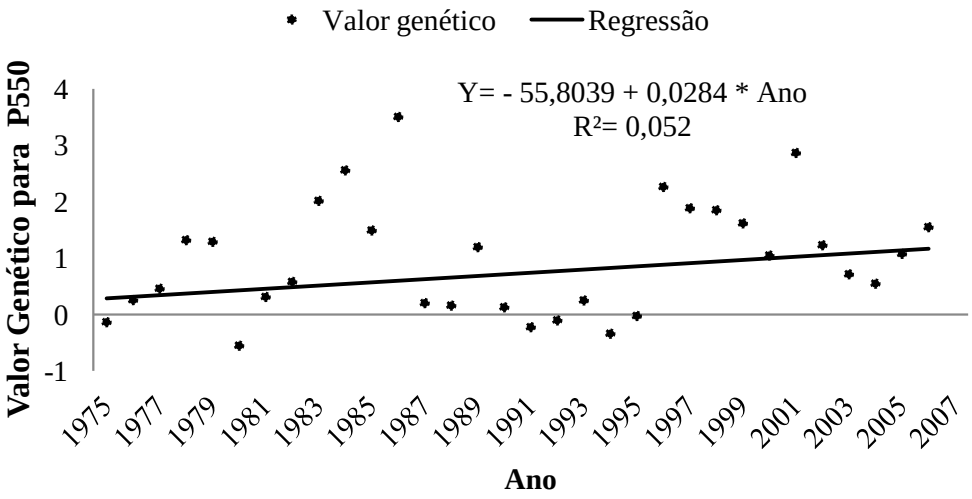

Figura 6. Tendência genética para o efeito materno para a característica P550 em animais da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil, no período de 1975 a 2007.

O estudo das tendências fenotípicas tem como principal objetivo monitorar o progresso fenotípico, avaliando conjuntamente a atuação dos programas de seleção e a melhoria das condições ambientais sobre as características analisadas ao longo dos anos.

A tendência fenotípica (regressão linear) para o peso aos 205 dias de idade (P205) foi significativa (P<0,0001) e igual a 0,8383 kg/ano (Figura 13), que corresponde a um incremento de 26,82 kg na característica, durante o período analisado. Em termos de mudança fenotípica anual, este valor representa para P205 ganhos de 0,48%.

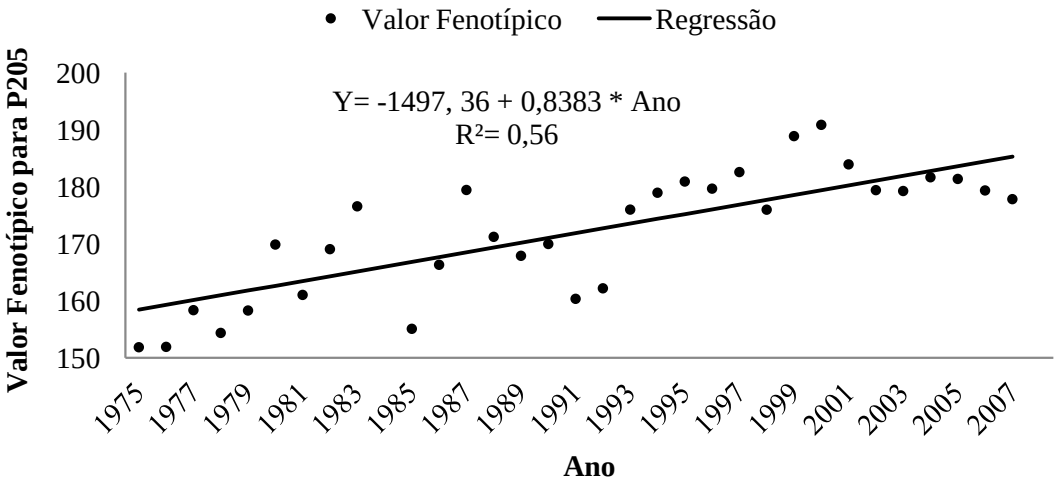

Figura 7. Tendência fenotípica para a característica P205 em animais da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil, no período de 1975 a 2007.

A tendência fenotípica (regressão linear) para o peso aos 365 dias de idade (P365) foi significativa (P<0,001) e igual a 0,7011 kg/ano (Figura 14), que corresponde a um incremento de 22,42 kg na característica, durante o período analisado. Em termos de mudança fenotípica anual, este valor representa para P365 ganhos de 0,29%. Houve ganho genético para as características P205 e P365, no decorrer dos anos. Entretanto, o progresso observado neste estudo deve ser atribuído principalmente ao ambiente, visto que a contribuição genética, apesar de positiva, foi baixa.

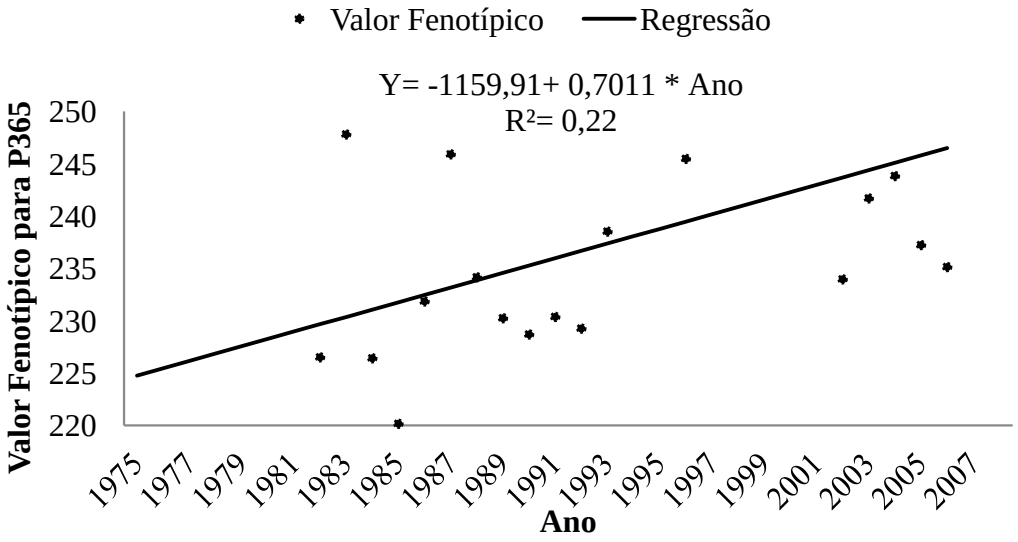

Figura 8. Tendência fenotípica para a característica P365 em animais da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil, no período de 1975 a 2007.

Para a característica P550, a tendência fenotípica (regressão linear) não foi significativa (p>0,05) (Figuras 15).

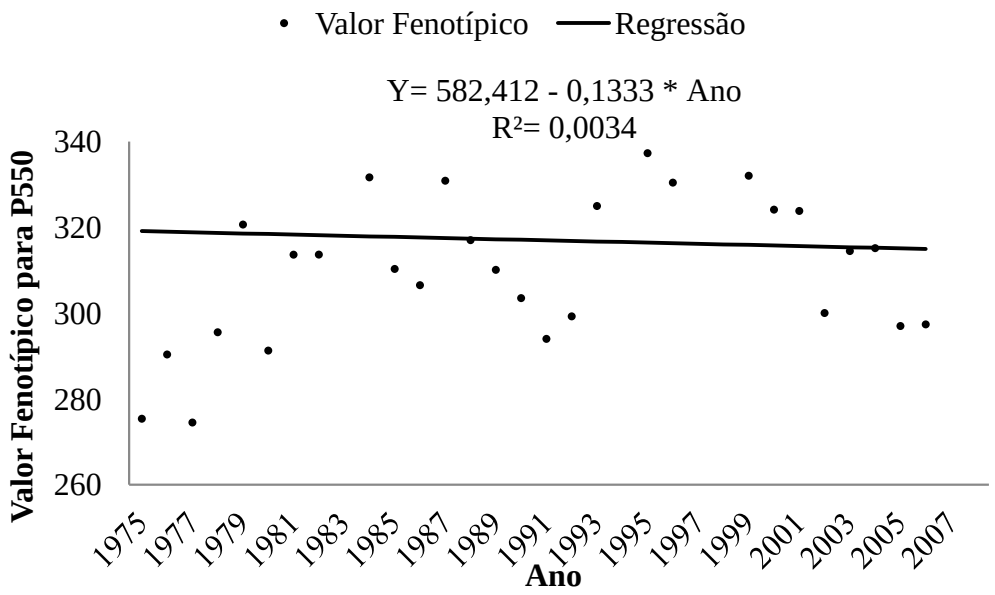

Figura 9. Tendência fenotípica para a característica P550 em animais da Raça Tabapuã na região Nordeste do Brasil, no período de 1975 a 2007.

Tabela 11: Estimativas dos parâmetros genéticos para o peso ajustado aos 205 (P205), 365 (P365) e aos 550 (P550) dias de idade, obtidas em análise bicaracterística, em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil.

Parâmetro	**(1)P205P365(2)**	**(1)P205P550(3)**	**(2)P365P550(3)**
h^2d_1	0,16	0,16	-
h^2d_2	0,19	-	0,22
h^2d_3	-	0,19	0,24
h^2m_1	0,17	0,14	-
h^2m_2	0,13	-	0,13
h^2m_3	-	0,10	0,09

h^2d_1 = herdabilidade direta da característica 1; h^2m_1 = herdabilidade materna da característica 1; h^2d_2 = herdabilidade direta da característica 2; h²m2= herdabilidade materna da característica 2; h^2d_3 = herdabilidade direta da característica 3; h²m3 = herdabilidade materna da característica 3.

Em análises multicaracterísticas, a avaliação de um animal para uma característica se faz pela contribuição de todas as outras características envolvidas na análise. Marques et al. (2001) verificaram que a seleção para pesos na desmama e com um ano de idade, usando informações combinadas de ambas as características, seria mais eficiente que com parâmetros estimados por meio do modelo de característica única. Segundo esses autores, a escolha de modelos multicaracterísticas no melhoramento animal tem o objetivo de alcançar maior eficiência na resposta à seleção, por utilizar de modo mais completo as informações disponíveis, considerar a existência de valores ausentes, ocasionados pela seleção sequencial e empregar as correlações existentes entre as características estudadas.

As estimativas de h^2d e h^2m nas análises bicaracterísticas foram inferiores às encontradas em análises de características únicas, com exceção da herdabilidade materna para a característica P205(0,17) e herdabilidade direta para a característica P550 (0,24) (Tabela 11). Isso provavelmente aconteceu em razão do aumento no número de observações (P205P550= 14.642; P205P365= 14.748 e P365P550= 10.319) quando se considerou mais de uma característica na análise.

Cucco (2008), em animais da raça Pardo Suiço, encontrou valores de herdabilidade total para P205P365=0,18; P205P450=0,21; P205P550=0,10 e concluíram que maior resposta a seleção pode ser obtida para as características P205 e P450, devido a maior herdabilidade total quando comparado às demais características. Porém a herdabilidade total foi fortemente influenciada pela covariância entre efeitos genéticos diretos e maternos.

Tabela 12: Correlações Genéticas[A], Fenotípicas[B] e de Ambiente[C] entre os pesos aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil.

Características	**Características**		
	P205	**P365**	**P550**
P205	-	0,90	0,90
P365	0,71		0,98
	0,19	-	
P550	0,51	0,88	
	0,39	**0,10**	-

[A] Acima da diagonal; [B] Abaixo da diagonal, primeiro valor e [C] Abaixo da diagonal (negrito).

As correlações genéticas entre o peso aos 205, 365 e 550 dias de idade foram de alta magnitude (0,90; 0,90 e 0,98), mostrando que grande parte dos genes que atuam no peso aos 205 dias, atuam também aos 365 e 550 dias de idade (Tabela 12). Apesar da correlação entre P365 e P550 ter sido muito alta (0,98), selecionar animais aos 205 dias de idade (P205) seria muito razoável devido a possibilidade de ganhos genéticos via resposta correlacionada e possibilitar a redução do intervalo de geração. Ferraz Filho et al. (2002) encontraram correlações altas e positivas para as mesmas características estudadas (0,81; 0,83 e 0,82) em animais da raça Tabapuã em diversas regiões brasileiras. Malhado et al. (2002) relataram (0,75; 0,61 e 0,65) em bovinos da raça Guzerá no estado de São Paulo. Santos et al. (2005) encontraram para P205P365= 0,90; P205P365= 0,81 e P365P550= 0, 97 em bovinos da raça Nelore Mocha. Fridrich (2003) em bovinos da raça Tabapuã relataram para PNP205= 0,63, 0,52; PNP365= 0,52 e P205P365= 0,53. Cucco (2008), em animais da raça Pardo Suiço, encontrou para P205P365= 0,91; P205P550= 0,71 e P365P550= 0,91. De um modo geral são esperadas correlações altas entre as pesagens, pois, o peso a idade mais jovem é um componente do peso a idade posterior.

As correlações genéticas entre P205 e P365, P205 e P550, e P365 e P550 foram superiores em magnitude à fenotípica (0,71; 0,51 e 0,88) (Tabela 12). Embora pareça improvável, pois a fenotípica contém a genética, Searle (1961) demonstrou que as correlações fenotípicas podem ser menores que as genéticas, desde que associadas a correlações ambientais baixas e positivas, quando os genes que controlam duas características quaisquer são similares.

Lôbo et al. (2000), revisando informações de diversos trabalhos em bovinos nas regiões tropicais, observaram correlações fenotípicas médias 0,29; 0,21 e 0,21 e correlações genéticas médias 0,51; 0,48 e 0,47 do peso ao nascimento com P205, P365 e P550, respectivamente.

As correlações ambientais entre o peso aos 205, 365 e 550 dias de idade (0,19; 0,39 e 0,10) (Tabela 12), foram de baixa magnitude. Ferraz Filho et al. (2002) encontraram (0,32; 0,27 e 0,58) em animais da raça Tabapuã em diversas regiões brasileiras. Malhado et al. (2002) relataram (0,44; 0,49 e 0,66) e Santos et al. (2005) encontraram (0,35; 0,13 e 0,54) entre P205, P365 e P550.

A comparação de modelos serve para escolher o modelo que melhor descreve o fenômeno estudado. A escolha do modelo que melhor se ajustou aos dados foi feita do Fator de Bayes (FB).

Observou-se menores valores de -2 log L do Fator de Bayes para P205 e P365 quando considerou o MA1, modelo animal completo), o qual levou-se em consideração os efeito maternos e de ambiente permanente. Para a característica P550 o menor valor de -2 log L foi observado quando considerou o MA2, modelo animal sem efeito de ambiente permanente (Tabela 13).

Tabela 13: Valores de FB- Fator de Bayes para os pesos P205, P365 e P550 dias de idade de animais da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil.

-2 Log (FB)	
P205	
MA1	**125.305,16**
MA2	**125.589,06**
MA3	**125.958,26**
P365	
MA1	**95.755,02**
MA2	**95.908,58**
MA3	**96.152,22**
P550	
MA1	**79.800,40**
MA2	**79.758,94**
MA3	**79.810,08**

MA1= modelo animal completo; MA2= modelo animal sem efeito de ambiente permanente e MA3= modelo animal apenas com efeito genético aditivo.

Foram observados valores crescentes para os efeitos maternos incluídos no modelo completo (MA1): σ^2m= 79,53 (P205); σ^2m= 185,14 (P365) e σ^2m= 222,87 (P550) e σ^2ep= 38,40 (P205); σ^2ep= 69,85 (P365) e σ^2ep= 79,78 (P550), (Tabela 14). Isto evidência a importância desses efeitos na fase pós-desmama, período em que os pesos são influenciados apenas pelos genes do próprio animal, entretanto ainda se observou efeito materno. Os coeficientes de herdabilidade direta foram h^2d= 0,20

(P205); h^2d= 0,27 (P365) e h^2d= 0,21 (P550) e materna h^2m= 0,14 (P205); h^2m= 0,14 (P365) e h^2m= 0,10 (P550), (Tabela 14).

A não inclusão do efeito de ambiente permanente no modelo (MA2), superestimou a variância genética aditiva materna: σ^2m= 122,21 (P205); σ^2m= 262,47 (P365); σ^2m= 296,16 (P550) e, consequentemente, os valores da herdabilidade materna: h^2m= 0,21 (P205); h^2m= 0,20 (P365) e h^2m= 0,14 (P550), (Tabela 14). Isto indica que ao não se incluir o efeito de ambiente permanente materno na análise, parte da variância do efeito permanente inflaciona a variância materna.

Para o modelo que não incluiu a variância genética aditiva materna e a variância do efeito de ambiente permanente (MA3), ficou evidenciado o valor superestimado da variância genética aditiva, fato que influenciou o valor da herdabilidade direta: h^2d= 0,43 (P205); h^2d= 0,39 (P365) e h^2d= 0,33 (P550) (Tabela 14). Este resultado indica que quando não se inclui os efeitos maternos nas análises, parte da variância materna é estimada como variância genética aditiva. O MA3 também forneceu os menores valores de variância fenotípica (σ^2p) entre todos os modelos empregados. Se utilizado na prática, ocasionaria valores de parâmetros genéticos elevados e viciados. Este modelo apresentou as maiores diferenças nos valores dos parâmetros genéticos quando comparados aos demais modelos.

Mercadante e Lôbo (1997) estudaram quatro modelos para características de crescimento de fêmeas de um rebanho Nelore e concluíram que a não inclusão do efeito genético materno e de ambiente permanente pode superestimar o componente genético aditivo direto e, consequentemente, o valor genético dos animais para estas características, proporcionando menor ganho genético do que o esperado.

Fernandes e Ferreira (2000) estudaram sete diferentes modelos em animais da raça Charolês e concluíram que quando não se incluiu o efeito materno e de ambiente permanente nos modelos, os mesmos não mostraram diferenças significativas a 1% de significância, quando comparados entre si, para a característica ganho de peso, do nascimento à desmama.

Scarpati e Lôbo (1999), estudando os aspectos genético-quantitativos do peso ao nascer (PN), de animais da raça Nelore, considerando simultaneamente os efeitos maternos de origem genética e de ambiente, não encontraram diferença significativa ao compará-lo com o modelo em que apenas o efeito genético materno foi considerado.

Neste caso, o modelo com a ausência do efeito permanente foi considerado o mais adequado.

Cyrillo et al. (2004) e Jacinto et al., (2005) não recomendam a escolha do modelo que contempla somente o efeito genético aditivo direto, pois na maioria dos casos este apresenta diferenças significativas dos demais modelos que incluem os efeitos maternos, bem como a superestimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos.

Dias et al., (2005), afirmam que a não inclusão dos efeitos maternos no modelo de análise pode fazer com que as variâncias do efeito permanente e genética aditiva materna inflacionem a variância genética aditiva direta.

Tabela 14: Estimativas dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos dos pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade, obtidas em análise de característica única, para os diferentes tipos de modelos estatísticos em bovinos da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil.

Modelos	**P025**								
	σ^2a	**σ^2m**	**σam**	**σ^2ep**	**σ^2e**	**σ^2p**	**h^2d**	**h^2m**	**rGam**
MA1	108,20	79,53	-30,88	38,40	324,36	550,49	0,20	0,14	-0,32
MA2	104,22	122,01	-38,05	---	332,54	558,76	0,19	0,21	-0,33
MA3	235,69	---	---	---	311,68	547,37	0,43	---	---
	P365								
	σ^2a	**σ^2m**	**σam**	**σ^2ep**	**σ^2e**	**σ^2p**	**h^2d**	**h^2m**	**rGam**
MA1	355,56	185,14	-120,46	69,85	706,73	1317,28	0,27	0,14	-0,46
MA2	352,46	262,47	-134,63	---	719,37	1334,30	0,26	0,20	-0,43
MA3	478,43	---	---	---	742,82	1221,25	0,39	---	---
	P550								
	σ^2a	**σ^2m**	**σam**	**σ^2ep**	**σ^2e**	**σ^2p**	**h^2d**	**h^2m**	**rGam**
MA1	457,34	222,87	-98,72	79,78	1365,09	2125,09	0,21	0,10	-0,28
MA2	455,08	296,16	-104,60	---	1382,60	2133,84	0,21	0,14	-0,26
MA3	680,66	---	----	---	1384,20	2064,86	0,33	---	---

MA1= modelo animal completo; MA2= modelo animal sem efeito permanente e MA3= modelo animal apenas com efeito genético aditivo.

As proporções da variância materna e de ambiente permanente, em relação à variância fenotípica no MA1 decresceram para todas as características (Figura 16 A), sugerindo que mesmo aos 550 dias idade, a influência materna foi importante e deve ser incluída no modelo animal.

Albuquerque & Meyer (2001), constataram que os valores de variância para ambiente permanente materno como proporção da variância fenotípica aumentaram do nascimento até os 150 dias, permanecendo constante até 240 dias e decrescendo após essa idade.

Cyrillo (2003) observou que as estimativas de variância para ambiente permanente materno como proporção da variância fenotípica foram crescentes até o desmame. Logo após essa idade, a variância para ambiente permanente materno como proporção da variância fenotípica diminuiu, porém continuou mantendo a importância do ambiente permanente materno.

Para o MA2 é possível notar que quando o efeito de ambiente permanente não foi incluído nos modelos as proporções das variâncias maternas, em relação à variância fenotípica, aumentaram para todas as características (Figura 16 B).

Para o MA3, modelo que contemplou apenas o efeito genético direto, foi constatado um aumento das proporções do efeito genético aditivo direto, em relação à variância fenotípica, (Figura 16 C). Isso aconteceu devido ao direcionamento dos efeitos genético materno e permanente para o efeito aditivo.

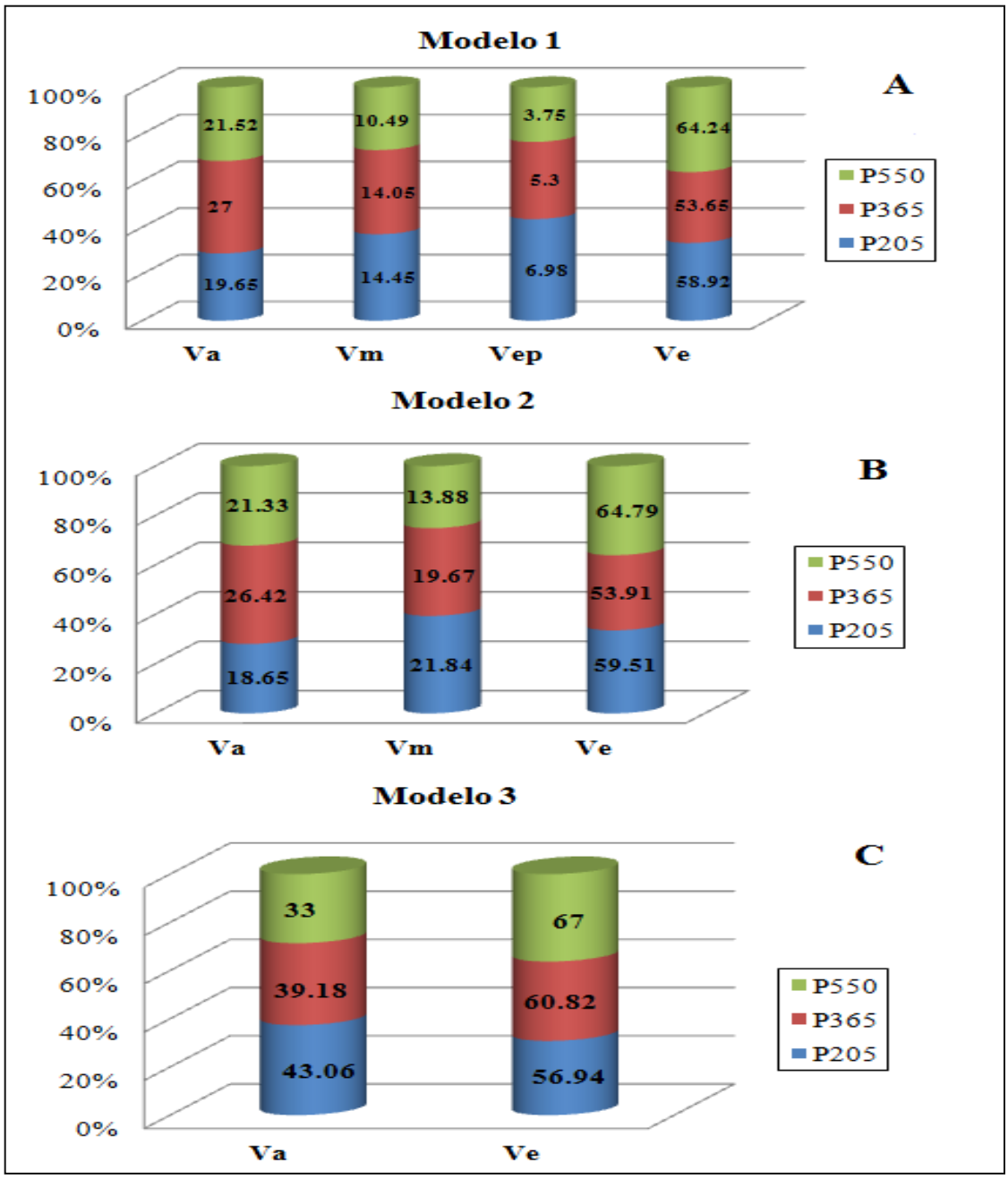

Figura 10. Proporção dos componentes de variância: va = variância genética aditiva direta; vm = variância genética aditiva materna; vep = variância do efeito permanente; ve = variância residual do Modelo 1; variância: va = variância genética aditiva direta; vm = variância genética aditiva materna e ve = variância residual do Modelo 2 e va = variância genética aditiva direta e ve = variância residual do Modelo 3 para características de pesos aos 205, 365 e 550 dias de idade em relação a variância fenotípica.

4. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Observou-se pequeno progresso genético no período entre 1975 a 2007 para as características P205, P365 e P550;

As características de crescimento analisadas apresentaram variabilidades genéticas aditivas para que a resposta à seleção seja positiva;

É possível obter ganhos genéticos, via resposta correlacionada, para os pesos aos 365 e 550 dias de idade ao selecionar para P205;

Quando não se considera um ou mais efeitos (materno e/ou de ambiente permanente) no modelo, têm-se diferenças que poderão alterar as estimativas dos parâmetros genéticos;

O modelo que incluiu os efeitos materno e de ambiente permanente (MA1) proporcionou melhor ajuste na representação dos dados para as características P205 e P365. Para a característica P550 o modelo que proporcionou o melhor ajuste foi o que não incluiu o efeito de ambiente permanente (MA2).

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBUQUERQUE, L.G.; MEYER, K. Estimates of direct and maternal genetic effects for weights from birth to 600 days of age in Nelore catte. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.118, p.83-92, 2001.

ARAÚJO, C. V.; RESENDE, G.S.A.; ARAÚJO, S. I.; RENNÓ, F. P. Interação genótipo x ambiente para produção de leite na raça Pardo Suíço, utilizando-se inferência Bayesiana. **Acta Scientiarum. Animal Sciences,** v. 31, n. 2, p. 205-211, 2009.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADOS DE TABAPUÃ. Disponível em http://www.tabapua.org.br/site/index.php/raca-tabapua/historico-da-raca. Acessado em 23 de novembro de 2013.

BIFFANI, S. S.; MARTINS FILHO, R.; LÔBO, R.N.B.;GIORGETTI, A.; BOZZI, R.. Fatores ambientais e genéticos sobre o crescimento ao ano e ao sobreano de bovinos nelore, criados no nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia,** v. 28, n. 3, p. 468-473, 1999.

BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 79, n. 8, p. 2023-2046, Aug. 2001.

BOLIGON, A. A.; PEREIRA, R. J.; AYRES, D. R.; ALBURQUEQUE, L. G. Influence of dat struture on the estimation of the additive genetic direct and maternal covariance for early growth traits in Nellore cattle. **Livestock Science**, v. 145, p. 212-218, 2012.

BOLDMAN, K. G.; KRIESE, L. A.; VAN VLECK,L. D.; VAN TASSELL, C. P.; KACHMAN, S. D. **A manual for of MTDFREML. A set of Programs to obtain estimates of variances and covariances (DRAFT)**. U.S.: Department of Agriculture, Agricultural Reserch Service, 1995. 115 p.

CAIRES, D. N.; MALHADO, C. H. M.; SOUZA, L. A. S.; TEIXEIRA NETO, M. R.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R.. Tabapuã breed in Northeastern Brazil: genetic progress and population structure. **Revista Brasileira de Zootecnia**., 2012, vol.41, n°.8, p.1858-1865. ISSN 1516-3598.

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 Brasileira de Zootecnia**, 2001, vol.30(1), p.41-48. ISSN 1516-3598.

CARDOSO, F. F. **Manual de utilização do Programa INTERGEN** – Versão 1.0 em estudos de genética quantitativa animal. Bagé. EMBRAPA. 2008. 75p. (DOCUMENTOS, 74).

COSTA, A. L. L. **Análise genética da taxa de crescimento em músculo e de características de carcaça em um rebanho de suínos Large White.** 2008. 83 p. Dissertação (Mestrado em Produção Animal) - Universidade Federal de Lavras, Lavras.

CUCCO, D. C. 2008. **Estimativa de parâmetros genéticos para crescimento e perímetro escrotal na raça Pardo Suíço Corte**. Dissertação (Mestrado) - Universidade de São Paulo, Pirassununga – SP.83f.

CYRILLO, J.N. **Estimativas de funções de covariância para crescimento de machos Nelore utilizando modelos de regressão aleatória**. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 2003. 72p. Dissertação (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Estadual Paulista, 2003.

CYRILLO, J. N. S.G.; ALENCAR, M. M.; RAZOOK, A. G.; MERCADANTES, M. E. Z.; FIGEIREDO, L. A. Modelagem e estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos para pesos do nascimento à seleção (378 dias) de machos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p. 1405-1415, 2004.

DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G.; TONHATI, H.; TEIXEIRA, R.A. Estimação de Parâmetros Genéticos para Peso em Diferentes Idades para Animais da Raça Tabapuã. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.34, n.6, p.1914-1919, 2005.

DIAZ, I.D.P.S. **Interação genótipo – ambiente no peso ao sobreano na raça Nelore**. 2009. 58 f. Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal.

FARIA, C.U. **Inferência Bayesiana no estudo genético quantitativo de características reprodutivas e de crescimento de bovinos da raça Nelore**. Goiânia. 2003. 86p. Dissertação (Mestrado) – Escola de Veterinária. Universidade Federal de Goiás.

FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; REYES, A. L.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F. Inferência Bayesiana e sua aplicação na avaliação genética de bovinos da Raça Nelore: Revisão Bibliográfica.**Ciência Animal Brasileira**, v.8, n.1, p. 75-86, jan./mar. 2007.

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

FERRAZ FILHO, P.B.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C.; ALENCAR, M.M. Herdabilidade e correlações genéticas, fenotípicas e ambientais para pesos em diferentes idades de bovinos da raça Tabapuã. **Archives of Veterinary Science**, v.7, n.1, p.65-69, 2002.

FRIDRICH, A.B. **Interação genótipo x ambiente e estimativas de parâmetros genéticos de características ponderais de bovinos da raça Tabapuã**. 2003. 35 p. **Dissertação** (Mestrado em zootecnia) - Escola de Veterinária – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.

GELMAN, A.; RUBIN, D.B. Inference from iterative simulation using multiple sequences. **Statistical Science**, v.7, p.457-511, 1992.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J.M. et al. **Bayesian statistics**. New York: Oxford University, 1992. Cap.4, p.625-631.

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

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

GOODALL, A.E.; SPREVAK, D. A Bayesian estimation of lactation curve of dairy cow. **Animal Production**, v.40, p.189-193, 1985.

HENDERSON, C. R. Estimation of variance and covariance components. **Biometrics**, v. 9, p. 226,1953.

HOESCHELE, I. Additive and non additive genetic variance in female fertility of Holsteins. **Journal of Dairy Science,** Champaign, v. 74, n. 5, p. 1743-1752, May 1991.

HOLANDA, M.C.R., S.B.P. Barbosa, A.C. Ribeiro K.R. Santoro. Tendências Genéticas para crescimento em bovinos Nelore em Pernambuco, Brasil. **Archivos de Zootecnia** vol. 53, núm. 202, p. 190, 2004.

JACINTO, E. J.; MARTINS FILHO, R.; MALHADO, C. H. M. ; AZEVEDO, D. M. M. R.;CARNEIRO, P. L. S.; LÔBO, R. N. B.; FACÓ, O.; MACHADO, C. H. C.; SOUZA, J.C.Adequação de modelos para estimativa de parâmetros genéticos relativos ao peso aos P205 de idade em bovinos da raça Tabapuã, criados na região Nordeste. **Revista Ciência Agronômica**. Vol. 36, n. 2, p. 221-226, 2005.

JAMROZIK, J.; GIANOLA, D.; SCHAEFFER, L.R. Bayesian estimation of genetic parameters for test day records in dairy cattle using linear hierarchical models. **Livestock Production Science**, v.71, p.223-240, 2001.

LÔBO, R. B.; OLIVEIRA, H. N.; BEZERRA, L. A. F.; MARTINS, E. N.; REYES, A. de los; MAGNABOSCO, C. D. U.; RUSSO, A.R.V. Estimativa de componentes de (co)variância e herdabilidade para o peso aos 120 dias de idade na raça Nelore usando estatística Bayesiana. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34, 1997, Juiz de Fora. **Anais eletrônicos**... Juiz de Fora: SBZ, 1997. CD-ROM

LÔBO, R.N.B.; MADALENA, F.E.; VIEIRA, A.R. Average estimates of genetic parameters for beef and dairy cattle in tropical regions. **Animal Breeding Abstracts**, v.68, n.6, p.433-461, 2000.

MAGNABOSCO, C. D U. **Estimativas de parâmetros genéticos em características de crescimento de animais da raça Nelore usando os métodos de máxima verossimilhança restrita e amostragem Gibbs**. 1997. 89 f. Tese (Doutorado em

Ciências Biológicas) – Faculdade de Medicina, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto.

MAGNABOSCO, C. D. U.; LÔBO, R. B.; FAMULA, T. R. Bayesian inference for genetic parameter estimation on growth traits for Nellore cattle in Brazil, using the Gibbs sampler. **Journal of Animal Breeding and Genetics,** Berlin, v. 117, n. 3, p. 169-188, 2000.

MAGNABOSCO, C.D.U.; FARIA, C.U.; REYES,A. de los.; LÔBO, R.B.; SAINZ, R.D.**Implementação da amostragem de Gibbs na estimação de componentes de (co)variância parâmetros genéticos em dados de campo de bovinos Nelore**. Planaltina:Embrapa Cerrados, 2002.v. 1. 46 p. [Boletim de Pesquisa].

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

MARQUES, L.F.A.; OLIVEIRA, H.N.; PEREIRA, J.C.C. Análises uni e bicaracterística dos pesos de bovinos Simental. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., 2001, Piracicaba. **Anais**... Piracicaba: SBZ, 2001. CD-ROM. Melhoramento Animal.

MERCADANTE, M.E.Z., LÔBO, R.B. 1997. Estimativas de (co) variâncias e parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno de características de crescimento de fêmeas de um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 26(6):1124-1133.

MISZTAL,J.2012. **Fortran Programs.** Disponível em:<http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php?id=readme.gib bs3>. Acesso em 13 de outubro 2012.

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

NOGUEIRA, D. A. SÁDAFI, T.; FERREIRA, D.F. Avaliação de critérios de convergência para o método de Monte Carlo via Cadeias de Markov. **Revista Brasileira de Estatística**, Rio de Janeiro, v.65, n.24, p.59-88, 2004.

OLIVEIRA, M. S. Comparações Múltiplas Bayesianas com Erro Normal Assimétrico. Lavras. Minas Gerais, 2009.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unuqual. **Biometrika**, London, v. 58, n. 3, p. 545-554, 1971.

PAULA, M. C.; MARTINS, E. N.; SILVA, L. O.; OLIVEIRA, C. A. L. Interação genótipo × ambiente para produção de leite de bovinos da raça Holandesa entre bacias leiteiras no estado do Paraná. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.3, p.467-473, 2009.

PEREIRA, J.C.C.; RIBEIRO, S.H.A.; SILVA, M.A. Análise genética de características ponderais e reprodutivas de fêmeas bovinas Tabapuã. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, p.231-236, 2005 (supl. 2).

PIMENTA FILHO, E.C.; MARTINS, G.A.; SARMENTO, J.L.R.; RIBEIRO, M.N.; MARTINSFILHO, R. Estimativas de herdabilidade de efeitos direto e materno de características de crescimento de bovinos Guzerá, no Estado da Paraíba. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30,n.4, p.1220-1223, 2001.

RAFTERY, A. L.; LEWIS, S. One long run with diagnostics: implementation strategies 474 for Markov chain Monte Carlo [Comment]. **Statistical Science**, Hayward, v. 7, n. 4, p. 475 493-497, 1992.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria ,2008. Disponível em: <http:/ /www.R-project.org>. On line. Acesso em outubro de 2012.

RESENDE, M. D. V. **Inferência Bayesiana e simulação estocástica (amostragem de Gibbs) na estimação de componentes de variância e de valores genéticos em plantas perenes.** Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 68p. (Documentos, 46).

REKAYA, R.; CARABÃNO, M.J.; TORO, M.A. Bayesian analysis of lactation curves of Holstein-Friesian cattle using a nonlinear model. **Journal of Dairy Science**, v.83, p.2691-2701, 2000.

RIBEIRO, M.N.; PIMENTA FILHO, E.C.; MARTINS, G.A.; SARMENTO, J.L.R.; MARTINSFILHO, R.M. Herdabilidade para efeitos direto e materno de características de crescimento de bovinos Nelore no estado da Paraíba. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n. 4, p. 1224-1227, 2001.

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

SANTOS, P.F.; MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; MARTINS FILHO, R.; AZEVÊDO, D.M.M.R.; CUNHA, E.E.; SOUZA, J.C.; FERRAZ FILHO, P.B. Correlação genética, fenotípica e ambiental do desenvolvimento ponderal em bovinos da raça nelore variedade mocha. **Archives of Veterinary Science**, v.10, n.2, p.55-60, 2005.

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

SCARPATI, M. T. V.; LÔBO, R. B. Modelos animais alternativos para estimação de componentes de (co)variância e de parâmetros genéticos e fenotípicos de peso ao nasce na raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**., v.28, n.3,p.512-518,1999.

SEARLE, S.R. Variance components in the unbalanced 2-way nested classifi cation. Annals of Mathematical Statistics, v.32, p.1161-1166, 1961.

SMITH, B.J. [2005]. **Bayesian output analysis program (BOA) for MCMC**. Disponível em: <http://www.public-health.uiowa. edu/boa/boa>. Acesso em: 14/09/2012.

SORENSEN, D. A. **Gibbs sampling in quantitative genetics.** Danish: Department of Breeding and Genetics, 1996. (Intern Report, 82).

SORENSEN, D. A.; WANG, C. S.; JENSEN, J.; GIANOLA D. Bayesian analysis of genetic change due to selection using Gibbs sampling. **Genetics Selection Evolution,** Paris, v. 26, n. 4, p. 333-360, Apr. 1994.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEMS - SAS. User's guide. Version 8.2.1. 2002**.**

VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D. **A manual for use of MTGSAM:** a set of fortran programs to apply Gibbs Sampling to animal models for variance component estimation. Lincoln: U.S. Department of Agriculture, Agricultural Service, 1995. 85p.

VAN TASSELL, C.P.; VAN VLECK, L.D . Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. **Journal of Animal Sciences,** Champaign, v. 74, n. 11, p. 2586-2597, Nov. 1996.