



**ANÁLISE GENÉTICA E COMPARAÇÃO DE MODELOS
POR INFERÊNCIA BAYESIANA E FREQUENTISTA EM
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS
DA RAÇA TABAPUÃ DO ESTADO DA BAHIA**

Bárbara Machado Campos

2013



**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA**

**ANÁLISE GENÉTICA E COMPARAÇÃO DE MODELOS
POR INFERÊNCIA BAYESIANA E FREQUENTISTA EM
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS
DA RAÇA TABAPUÃ DO ESTADO DA BAHIA**

Autor: Bárbara Machado Campos
Orientador: Paulo Luiz Souza Carneiro

ITAPETINGA
BAHIA – BRASIL
Fevereiro de 2013

BÁRBARA MACHADO CAMPOS

**ANÁLISE GENÉTICA E COMPARAÇÃO DE MODELOS POR
INFERÊNCIA BAYESIANA E FREQUENTISTA EM
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS DA
RAÇA TABAPUÃ DO ESTADO DA BAHIA**

Dissertação apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de MESTRE EM ZOOTECNIA, no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia.

Orientador: Prof. DSc. Paulo Luiz Souza Carneiro
Co-orientadores: Prof. DSc. Fabyano Fonseca e Silva
Prof. DSc. Carlos Henrique Mendes Malhado

ITAPETINGA
BAHIA – BRASIL
Fevereiro de 2013

“Ficha Catalográfica Preparada pela Biblioteca da UESB, Campus de Itapetinga”

C21 Campos, Bárbara Machado.
Análise genética e comparação de modelos por inferência bayesiana e frequentista em características de crescimento de bovinos da raça Tabapuã no Estado da Bahia/Bárbara Machado Campos.- Jequié, 2013.
84 f: il.; 30cm. (Anexos)

Dissertação (Mestrado-Programa de pós-graduação em Zootecnia) - Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, 2013. Orientador: Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro.

1. Zootecnia – Ganho genético em bovinos de raça tabapuã 2. Criação de bovinos – Interferência bayesiana 3. Criação de bovinos – Metodologia REML I. Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia II. Título.

CDD – 636.0824

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

DECLARAÇÃO DE APROVAÇÃO

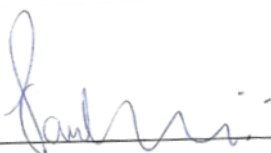
Título: “Análise genética e comparação de modelos por inferência bayesiana e frequentista em características de crescimento de bovinos da raça Tabapuã do estado da Bahia”.

Autor (a): Bárbara Machado Campos


Orientador (a): Prof. DSc. Paulo Luiz Souza Carneiro

Co-orientador (a): Prof. DSc. Carlos Henrique Mendes Malhado
Prof. DSc. Fabyano Fonseca e Silva

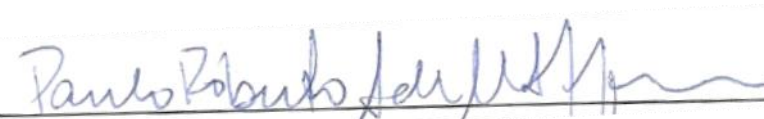
Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de MESTRE EM ZOOTECNIA, ÁREA DE CONCENTRAÇÃO: PRODUÇÃO DE RUMINANTES, pela Banca Examinadora:



Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro – UESB
Orientador



Prof. Dr. Amauri Arias Wenceslau – UESC



Prof. Dr. Paulo Roberto Antunes de Mello Affonso – UESB

Data de realização: 22 de fevereiro de 2013.

Acreditar...

Tudo tem seu tempo determinado e há tempo para todo o propósito debaixo do céu. Esperei no Senhor, me animei e me fortaleci, pois Deus é meu refúgio e fortaleza, socorro bem presente na angústia.

Não temi mal algum, porque Ele sempre esteve comigo desde a minha mocidade; por Ele tenho sido sustentada desde o ventre.

Tive esperança e aguardei em silêncio o trabalhar de Deus.

Lancei meu pão sobre as águas na esperança de que depois o acharias, pois o cajado de meu Deus me sustentava.

Aos meus pais Jakson Cavalcante Campos e Joselita Machado dos Santos, por tudo aquilo que sou;

Aos meus irmãos Bruno Machado Campos e Bianca Machado Campos, pela cumplicidade e amizade;

À minha família como um todo, em especial, àquela que estendeu a mão para mim e para minha família no momento em que mais precisávamos. Esta conquista devo também a vocês!

Ao professor orientador Paulo Luiz Souza Carneiro, pela paciência, generosidade, amizade e pelo exemplo profissional.

Dedico e ofereço

AGRADECIMENTOS

À vida concedida por Deus;

À Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB e ao Curso de Pós-Graduação em Zootecnia;

Ao professor DSc. Paulo Luiz Souza Carneiro, pela orientação, oportunidades, otimismo e apoio para realização deste trabalho;

Ao professor DSc. Carlos Henrique Mendes Malhado, pela ajuda constante durante toda a realização da pesquisa;

Ao professor DSc. Fabyano Fonseca e Silva, pela disponibilidade em receber-me no Departamento de Estatística da Universidade Federal de Viçosa, para que pudesse aprender e realizar minhas análises;

Aos amigos, Diego Pagung Ambrosini e Aracele Prates, pela ajuda e conhecimento concedidos;

Aos amigos de mestrado, Lígia Lins (pelos conselhos e amizade), Marcela Ramos (pelo companheirismo e afeto), Vanius, Henrique, Júlio Jaat, Eva Clícia, José Lauro, Jarbas Correa, Fernando, Mário, Andrea, pelos momentos de estudo, risos e pelas conversas compartilhadas da vida;

Às amigas, Carla (pelos momentos tão descontraídos) e Lorena Muniz, por toda ajuda desde minha chegada à Jequié e pela sua amizade sincera e aconchegante presentes até hoje;

Ao príncipe amigo, Vanderley, pelo carinho, companheirismo e, principalmente, por doar-me a sua família tão amada e querida!

Às minhas primas queridas, Marina Borges, Marília Borges, Mônica Borges, Cristiane, Rosimira Amaral, Rosimeire Amaral, Euclésio Amaral e sua esposa (pelo apoio me dado em Jequié);

Às minhas tias, em especial, Maria Borges, Inês Machado, Rosalva Machado, Eunice Bahia, Rosalia Amaral e Zizi;

Às minhas avós, Rosimira Borges e Dair Araújo (“*in memoriam*”);

À FAPESB, pela concessão da bolsa, permitindo minha permanência no programa de Pós-Graduação.

BIOGRAFIA

BÁRBARA MACHADO CAMPOS, filha de Jakson Cavalcante Campos e Joselita Machado dos Santos, nasceu em Salvador, Bahia, no dia 28 de julho de 1987.

Em 2005, concluiu o ensino médio no colégio Centro Integrado de Educação Navarro de Brito – CIENB.

Em 2010, graduou-se em Zootecnia (Bacharelado) pela Universidade Federal do Recôncavo da Bahia – UFRB, Campus de Cruz das Almas – BA.

Em março de 2011, iniciou o curso de Pós-Graduação em Zootecnia – Mestrado em Zootecnia, na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB, Área de Concentração em Produção de Ruminantes, dedicando-se à área de Genética e Melhoramento Animal.

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS.....	vii
LISTA DE TABELAS.....	ix
LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS.....	xi
RESUMO	xii
ABSTRACT.....	xiii
1 – INTRODUÇÃO GERAL.....	01
2 – OBJETIVO GERAL.....	03
2.1.Objetivos específicos.....	03
I – REFERENCIAL TEÓRICO.....	04
1.Introdução.....	04
1.1.Método da máxima verossimilhança restrita – REML.....	04
1.2. Método bayesiano.....	05
1.2.1.Teorema de Bayes.....	06
1.3.Métodos de simulação de Monte Carlo via cadeias de Markov (MCMC).....	08
1.3.1.Algoritmo de amostragem de Gibbs (Gibbs Sampling).....	08
1.4.Distribuição a priori.....	09
1.5.Distribuição a posteriori.....	10
1.6.Diagnóstico de convergência.....	11
1.7.Fator de Bayes.....	12
1.8.Critério de informação da deviance (DIC).....	13
II – MATERIAL E MÉTODOS.....	14
III- RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	23
IV- CONCLUSÕES.....	56
V- REFERÊNCIAS.....	57

LISTA DE FIGURAS

	Página
<p>FIGURA 1. Médias, desvio padrão e gráficos de traço dos componentes de (co) variância versus ciclos Cadeia de Markov, do peso P205 dias para variância genética aditiva (A), covariância entre o efeito genético e materno (B), variância materna (C), variância do efeito permanente (D), variância ambiental (E), variância fenotípica (F).....</p>	24
<p>FIGURA 2. Médias, desvio padrão e gráficos de traço dos componentes de (co) variância versus ciclos Cadeia de Markov, do P365 dias para variância genética aditiva (A), covariância entre o efeito genético e materno (B), variância materna (C), variância do efeito permanente (D), variância ambiental (E), variância fenotípica (F).....</p>	25
<p>FIGURA 3. Médias, desvio padrão e gráficos de traço dos componentes de (co) variância versus ciclos Cadeia de Markov para P550 dias para variância genética aditiva (A), variância ambiental (B), variância fenotípica (F).....</p>	26
<p>FIGURA 4. Distribuição das densidades posteriores médias do peso aos 205 dias para V_a= variância genética aditiva, C_{am}= covariância entre o efeito genético e materno, V_m= variância materna, V_{ep}= variância do efeito permanente, V_e= variância ambiental, V_p= variância fenotípica, h_a= herdabilidade direta, h_m= herdabilidade materna e r_{Gam}= correlação entre o efeito genético e materno.....</p>	27
<p>FIGURA 5. Distribuição das densidades posteriores médias do peso aos 365 dias para V_a= variância genética aditiva, C_{am}= covariância entre o efeito genético e materno, V_m= variância materna, V_{ep}= variância do efeito permanente, V_e= variância ambiental, V_p= variância fenotípica, h_a= herdabilidade direta, h_m= herdabilidade materna e r_{Gam}= correlação entre o efeito genético e materno.....</p>	28
<p>FIGURA 6. Distribuição das densidades posteriores médias do peso aos 550 dias para V_a= variância genética aditiva, V_e= variância ambiental, V_p= variância fenotípica, h_a= herdabilidade direta.....</p>	29

FIGURA 7.	Proporção dos componentes de variância: v_a = variância aditiva direta; v_m = variância materna; v_{ep} = variância do efeito permanente e v_e = variância residual do Modelo 1; v_a = variâncias aditiva direta; v_m = variância materna e v_e = variância residual do Modelo 2 e v_a = variância aditiva direta e v_e = variância residual do Modelo 3 para características de pesos aos 205, 365 e 550 dias de idade.....	32
FIGURA 8.	Tendência genética para a característica P205 em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia, período de 1975 a 2010, por meio da inferência bayesiana.....	46
FIGURA 9.	Tendência genética para a característica P365 em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia, período de 1975 a 2010, por meio da inferência bayesiana.....	47
FIGURA 10.	Tendência genética para a característica P550 em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia, período de 1975 a 2010, por meio da inferência bayesiana.....	48
FIGURA 11.	Tendência materna para a característica P205 em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia, período de 1975 a 2010, por meio da inferência bayesiana.....	49
FIGURA 12.	Tendência materna para a característica P365 em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia, período de 1975 a 2010, por meio da inferência bayesiana.....	50
FIGURA 13.	Tendência fenotípica para a característica P205 em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia, período de 1975 a 2010, por meio da inferência bayesiana.....	51
FIGURA 14.	Tendência fenotípica para a característica P365 em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia, período de 1975 a 2010, por meio da inferência bayesiana.....	52
FIGURA 15.	Tendência fenotípica para a característica P550 em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia, período de 1975 a 2010, por meio da inferência bayesiana.....	53

LISTA DE TABELAS

		Página
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 no estado da Bahia.....	14
TABELA 2.	Definição do número total de iterações, descarte e salvamento para as características de crescimento após teste de convergência pelo critério de Raftery e Lewis.....	20
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 estado da Bahia.....	23
TABELA 4.	Valores de FB - Fator de Bayes e DIC – Critério de Informação da Deviance para os pesos P205, P365 e P550 dias de idade de animais da raça Tabapuã do estado da Bahia.....	30
TABELA 5.	Estimativas dos componentes de (co) variância, herdabilidades diretas e maternas 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 no estado da Bahia.....	34
TABELA 6.	Correlações de ranking entre os valores genéticos dos animais para os modelos M1 e M3.....	36
TABELA 7.	Posicionamento dos 10 melhores animais no arquivo geral em função dos modelos utilizados.....	37
TABELA 8.	Estimativas dos componentes de (co) variância dos pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade, em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia pelo método bayesiano.....	38
TABELA 9.	Estimativas dos parâmetros genéticos dos pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade, em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia pelo método frequentista.....	40
TABELA 10.	Estimativas dos parâmetros genéticos dos pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade, em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia pelo método bayesiano.....	44

- TABELA 11.** Equações de regressão para os efeitos genético, materno e fenotípico para os pesos aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade, utilizando duas metodologias para estimação dos valores genéticos: GIBBS3F90 e MTDFREML em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia..... 54
- TABELA 12.** Estimativas das correlações de Pearson dos valores genéticos entre os métodos REML e Bayesiano em características de crescimento de animais da raça Tabapuã do estado da Bahia..... 55

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ABCZ - Associação Brasileira de Criadores de Zebu

MTDFREML - Multiple Trait Derivate-Free Restricted Maximum Likelihood (Máxima Verossimilhança Restrita para características múltiplas)

REML- Restricted Maximum Likelihood (Método da Máxima Verossimilhança Restrita)

GIBBS3F90 – Gibbs Fortran

FB- Factor de Bayes (Fator de Bayes)

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

BLUP - Best Linear Unbiased Prediction (Melhor Preditor Linear não viesado)

MCMC- Markov Chain Monte Carlo (Cadeia de Markov Monte Carlo)

P205 – peso padronizado aos 205 dias de idade

P365 - peso padronizado aos 365 dias de idade

P550 - peso padronizado aos 550 dias de idade

M1 – efeito genético aditivo direto e materno, efeito de ambiente permanente e residual (modelo completo).

M2 – efeito genético aditivo direto e materno e residual.

M3- efeito genético aditivo direto e residual

RESUMO

CAMPOS, B.M. **Análise genética e comparação de modelos por inferência bayesiana e frequentista em características de crescimento de bovinos da raça Tabapuã do estado da Bahia.** Itapetinga, BA: UESB, 2012. (84 p.) (Dissertação – Mestrado 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, pelos métodos de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e bayesiano, a fim de avaliar as propriedades das estimativas obtidas por ambas as metodologias, além de comparar modelos com os efeitos diretos e maternos em animais de raça Tabapuã no estado da Bahia, criados a pasto. Foram utilizadas informações de 45.281 animais no período entre 1975 a 2010, provenientes do controle de desenvolvimento ponderal da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ). O modelo utilizado para comparação das metodologias considerou para os pesos aos 205 e 365 dias de idade os efeitos aleatórios genéticos diretos e maternos e de ambiente permanente, além do efeito de grupo contemporâneo (GC) e a covariável idade da vaca ao parto (efeito linear e quadrático). Para P550, foram considerados os mesmos efeitos, porém, apenas não se considerou o efeito genético materno. As estimativas das tendências genéticas, maternas e fenotípicas para as características foram obtidas pela regressão linear ponderada da média da variável dependente (valores genéticos e pesos observados) sobre o ano de nascimento. As herdabilidades diretas foram iguais a $0,41 \pm 0,04$ (P205); $0,56 \pm 0,06$ (P365) e $0,32 \pm 0,02$ (P550) pelo método REML e $0,33 \pm 0,03$ (P205); $0,43 \pm 0,04$ (P365) e $0,32 \pm 0,02$ (P550) pelo método bayesiano. As herdabilidades maternas foram: $0,15 \pm 0,02$ (P205) e $0,14 \pm 0,02$ (P365) e $0,17 \pm 0,03$ (P205) e $0,18 \pm 0,03$ (P365), pelas metodologias REML e bayesiana, respectivamente. As correlações genéticas entre os efeitos aditivos diretos e maternos foram consideradas altas e negativas para ambos os métodos. Os resultados obtidos para as tendências genéticas diretas indicam ganhos genéticos ao longo dos anos das características de crescimento. Entretanto, ficou evidenciada uma perda significativa para as tendências maternas de até 9,4 kg para (P205) e 7,4 kg para (P365). O progresso fenotípico observado para o peso aos 205 dias revela melhoria com o decorrer dos anos, sendo verificados ganhos fenotípicos anuais significativos. Em relação aos critérios de modelos, apresentou os melhores resultados aquele que considerou o efeito materno e de ambiente permanente. Os resultados demonstram que o método bayesiano proporciona estimativas semelhantes às disponibilizadas pela metodologia de máxima verossimilhança restrita, tanto para os componentes de (co) variância quanto para os valores genéticos e que os efeitos maternos devem ser incluídos nas análises de avaliação genética em animais da raça Tabapuã do estado da Bahia.

Palavras-chave: ganho genético, inferência bayesiana, parâmetros genéticos, reml, tabapuã

*Orientador: Paulo Luiz Souza Carneiro, D.Sc., UESB e Co-orientadores: Carlos Henrique Malhado, D.Sc., UESB e Fabyano Fonsceca e Silva, D.Sc., UFV.

ABSTRACT

CAMPOS, B.M. **frequentist and bayesian approach in genetic analysis and comparison of models for growth traits in cattle Tabapuã the state of Bahia.** Itapetinga-BA: UESB, 2013. 84f. (Dissertation – Master's Degree in Animal Science, Area of Concentration in Ruminant Production).*

The goal of this study was estimate (co) variance components, genetic parameters and genetic values for the weights adjusted to 205 (P205), 365 (P365), 550 (P550) days of age, by the method of Restricted Maximum Likelihood (REML) and bayesian method, in order to evaluate properties of estimates obtained by both methodologies and compare models with direct and maternal effects in animals of Tabapuã breed in Bahia State raised on pasture. The model used for methodology comparison considered that, for the weights at 205 and 365 days of age, effects are random, direct and maternal, beyond the effect of contemporary group (CG), and the covariate cow age at calving (linear and quadratic effect). For P550 were considered the same effects, however, was not considered the maternal genetic effect. Estimates of genetic, maternal and phenotypic trend for all traits were obtained by linear regression weighted of average of the dependent variable (genetic values and observed weights) on the year of birth. The direct heritabilities were equals to 0.41 ± 0.04 (P205), 0.56 ± 0.06 (P365) and 0.32 ± 0.02 (P550) by REML method and 0.33 ± 0.03 (P205), 0.43 ± 0.04 (P365) and 0.32 ± 0.02 (P550) by Bayesian method. The maternal heritabilities were 0.15 ± 0.02 (P205) and 0.14 ± 0.02 (P365) and 0.17 ± 0.03 (P205) and 0.18 ± 0.03 (P365), by the REML and Bayesian methodologies, respectively. Genetic correlations between the additive direct and maternal effects were considered high and negative for both methods. The results obtained for the genetic direct trends indicate genetic gains over the years of growth traits. However, was evidenced a significant loss for maternal trends up to 9.4 kg (P205) and 7.4 kg (P365) during the 35 year of study. The phenotypic progress observed for (P205) shows improvement over the course of years, being found phenotypic gains significant annually. Concerning the criteria of models, which showed the best results was the who considered the maternal effect and permanent environment. The results demonstrate that the Bayesian method provides estimations methodologies similar to that provided by the restricted maximum likelihood method, both for the (co)variance and for the genetic values, and that maternal effects must be included in the analysis for genetic evaluation of animals breed Tabapuã in the Bahia State.

Keywords: genetic gains, bayesian inference, genetic parameters, reml, tabapuã

*Adviser: Paulo Luiz Souza Carneiro, D.Sc., UESB and Co-advisor: Carlos Henrique Mendes Malhado, D.Sc., UESB and Fabyano Fonseca e Silva, D.Sc., UFV.

1 INTRODUÇÃO GERAL

O Brasil possui um dos maiores rebanhos comerciais de bovinos do mundo, sendo que a maioria dos animais é destinada à produção de carne. Este comércio faz parte de uma das mais importantes cadeias produtivas do país, responsável pela maioria das exportações nacionais com predominância de animais de raças zebuínas, que compõem cerca de 80% do rebanho bovino.

As melhorias nas áreas de genética, nutrição, sanidade e manejo têm contribuído para um aumento na eficiência produtiva das propriedades rurais. No entanto, algumas regiões do país, como o Nordeste, têm ainda baixa produtividade, devido às limitações edafoclimáticas e poucos trabalhos de pesquisa, principalmente na área de melhoramento. Dessa forma, torna-se necessário um conjunto de ações, com investimentos em melhoramento genético e ambiental, para obtenção de um produto de qualidade com menor custo possível, visando aumentar a eficiência produtiva.

Em um programa de melhoramento genético animal, um dos objetivos mais importantes é identificar genótipos que apresentem desempenho favorável nos ambientes escolhidos para criação e indicar os acasalamentos, aumentando a produtividade de forma permanente e cumulativa através do ganho genético. Assim, a eficiência da seleção depende da correta identificação e utilização de animais geneticamente superiores para as características economicamente importantes, tais como as de desenvolvimento ponderal.

Na prática, a identificação dos genótipos superiores é particularmente difícil, porque o mérito genético de um animal não é mensurável diretamente, mas predito mediante outras informações, como as medidas das características e as informações sobre a genealogia. Basicamente, deve-se selecionar indivíduos que serão utilizados como pais da próxima geração, escolher o sistema de acasalamento e introduzir novo material genético (variabilidade genética). Estas alternativas têm por objetivo aumentar a frequência dos genes desejáveis e obter combinações gênicas favoráveis.

Depois de implantado, o programa de melhoramento deve ser periodicamente avaliado e acompanhado. Uma das maneiras de realizar um acompanhamento é por

meio do conhecimento de parâmetros genéticos e de estimativas de mudança genética, importantes para nortear os programas de melhoramento e orientar tomadas de decisões futuras.

Para a obtenção dos parâmetros e valores genéticos dos animais, é necessário estimar os componentes de variância da população. A obtenção dessas estimativas acuradas é essencial para identificar um método estatístico adequado e que melhor reflita o comportamento biológico das características em estudo. Nesse contexto, vários procedimentos de estimação dos componentes de variância já foram propostos para aplicação no melhoramento animal.

O método da máxima verossimilhança restrita tem sido comumente escolhido pelos melhoristas para estimação dos componentes de variância e predição dos valores genéticos através do programa MTDFREML. O uso dos métodos frequentista permite somente obter estimativas pontuais da variância genética. No entanto, a inferência bayesiana aparece como uma alternativa de grande flexibilidade, pois sua aplicação em análises genéticas permite a obtenção de densidades posteriores dos parâmetros estudados em uma amostra determinada e pode ser utilizada tanto em pequenos ou grandes conjuntos de dados e, também, em modelos mais complexos, não sendo necessário o conhecimento da distribuição inicial do parâmetro que se deseja estimar. Por sua vez, a escola frequentista gera um valor estimado e um intervalo de confiança, podendo oferecer distribuições apenas quando se repetir, por infinitas vezes, o experimento.

O aumento na precisão das estimativas é proporcional ao número de parâmetros considerados nas análises. Quanto maior o número de parâmetros, maior será a complexidade dos modelos e, assim, a inferência bayesiana vem como metodologia alternativa para análise dos dados em melhoramento animal. Avaliar as diferenças entre modelos é de fundamental importância para que se possa realizar estimativas adequadas e usar essas informações nas avaliações genéticas. Com o avanço de processamento dos atuais computadores e o desenvolvimento de novos *softwares*, modelos mais complexos puderam ser simultaneamente ajustados aos dados em diversas análises.

Objetivou-se neste estudo comparar parâmetros genéticos e tendências genéticas, maternas e fenotípicas, utilizando o método da máxima verossimilhança restrita livre de derivadas, via MTDFREML, e o método bayesiano, via GIBBS3F90, e identificar o

melhor ajuste de modelo em características produtivas de animais da raça Tabapuã do estado da Bahia.

2 OBJETIVO GERAL

Utilizar a metodologia bayesiana e frequentista em avaliação genética e comparar modelos em características de desenvolvimento ponderal de bovinos da raça Tabapuã do estado da Bahia.

2.1 Objetivos específicos

Estimar os parâmetros genéticos para os pesos ajustados aos 205, 365 e 550 dias de idade, para a raça Tabapuã do estado da Bahia, e compará-los por meio da inferência e bayesiana e frequentista;

Estimar tendências genéticas, maternas e fenotípicas para as características citadas da raça Tabapuã, em diferentes períodos, por meio da inferência bayesiana e frequentista;

Estimar os coeficientes de correlações genéticas entre os métodos frequentista e bayesiano para as características citadas da raça Tabapuã;

Utilizar critérios de modelagem para comparação de modelos, a fim de identificar o melhor ajuste de representação dos dados;

Correlacionar a classificação dos animais para o modelo com efeito materno e sem o efeito materno.

I - REFERENCIAL TEÓRICO

1 INTRODUÇÃO

1.1 Método da máxima verossimilhança restrita – REML

No melhoramento animal, os métodos utilizados na estimação de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos são imprescindíveis nas avaliações genéticas. Esses métodos têm sido cada vez mais importantes na pecuária de corte com a utilização de valores genéticos na seleção de reprodutores e matrizes. No entanto, os componentes de variância, necessários para a obtenção dos valores genéticos, precisam ser estimados de forma acurada para que as diferenças entre o valor predito e o verdadeiro sejam minimizadas (FARIA et al., 2008).

Dessa maneira, a aplicação de métodos que possibilitem maximizar a acurácia das estimativas dos componentes de variância é de extrema importância. A partir da década de 80, as avaliações genéticas começaram a ser realizadas utilizando-se a teoria dos modelos mistos Henderson (1973), para a obtenção do melhor preditor linear não viesado (*best linear unbiased prediction* – BLUP). Essa metodologia tem como principal característica a estimação dos efeitos fixos e dos efeitos aleatórios. Isso possibilitou a realização de avaliações genéticas em grande escala, considerando informações de animais em rebanhos, regiões e mesmo países diferentes.

Porém, essa metodologia pressupõe que os componentes de variância sejam conhecidos, o que raramente ocorre na prática. Quando tais componentes são desconhecidos, utiliza-se como estratégia de análise a substituição dos valores paramétricos dos componentes de variância por estimativas de máxima verossimilhança restrita (REML), com procedimentos que permitem obter o BLUP.

Atualmente, a Máxima Verossimilhança Restrita – REML Partteson & Thompson (1971) é o método de escolha para estimação dos componentes de variância pela disponibilidade de programas computacionais como *Multiple Trait Derivate-Free Restricted Maximum Likelihood* - MTDFREML (Boldaman et al., 1995). Essa metodologia tem como principal característica a estimação dos efeitos fixos e dos efeitos aleatórios de maneira que a função densidade de probabilidade das observações

é dada pela soma das funções densidade de probabilidade de cada parte. Além disso, permite a inclusão das informações da matriz de parentesco, possibilitando a realização de avaliações genéticas em grande escala (ALBUQUERQUE et al., 2011) e avaliação para características múltiplas em modelos com dois ou mais fatores aleatórios (BARBOSA, 2007).

Os resultados da estimação de componentes de variância por este método são pontuais, ou seja, o valor do parâmetro que se quer estimar é um valor fixo determinado e não permitem que outras inferências sejam realizadas. Além disso, propicia apenas intervalos de confiança, aproximados para os componentes de variância, através do uso de aproximações de tendência à normalidade (GIANOLA et al., 1990).

1.2 Método bayesiano

A teoria bayesiana baseia-se nos métodos de probabilidade dos trabalhos desenvolvidos pelo padre Thomas Bayes (1763), através do teorema de BAYES. Porém, somente a partir do início da década de 80 é que a inferência bayesiana reapareceu, motivada pelo desenvolvimento computacional.

Os métodos bayesianos baseiam-se no ajustamento de um modelo probabilístico a um conjunto de observações, resumindo os resultados numa distribuição de probabilidade atribuída aos parâmetros do modelo (inferência) ou a dados não observados (predição). Em outras palavras, ela baseia-se no conhecimento da distribuição *a priori* dos parâmetros genéticos e possibilita a construção de medidas de credibilidade exatas para as estimativas dos parâmetros genéticos em uma amostra determinada. O grau de credibilidade depende do estado inicial do conhecimento de quem define essa probabilidade, refletindo-se numa distribuição *a priori* de probabilidade.

Num modelo bayesiano, todos os dados desconhecidos são tratados como variáveis aleatórias, não existindo distinção fundamental entre variáveis e parâmetros (BLASCO, 2001; TORRES et al., 2007). Este modelo consiste na distribuição conjunta de todos os dados conhecidos e desconhecidos. Então, condicionando os parâmetros em relação às observações (dados), obtemos a distribuição posterior dos parâmetros e dos dados desconhecidos. Esta distribuição posterior é o resultado da inferência bayesiana

que, em geral, não pode ser obtida de uma forma exata, devido às integrações envolvidas.

1.2.1 Teorema de Bayes

A inferência bayesiana visa descrever a incerteza sobre o verdadeiro valor de alguns parâmetros, utilizando a probabilidade como uma medida desta incerteza. Isso é possível graças ao Teorema de Bayes, o qual consiste em uma informação *a priori*, a respeito dos parâmetros de uma função de verossimilhança dos dados, e do cálculo da distribuição e probabilidade *a posteriori*, para os parâmetros que se apresentam dentro de certos limites.

O teorema de Bayes é uma forma matemática de resumir toda a informação disponível sobre um determinado evento, com a finalidade de realizar a melhor decisão possível. A incerteza acerca dos parâmetros θ é expressa através de uma função densidade de probabilidade para estes parâmetros, dadas as observações, $p(\theta|y)$. Pela definição de probabilidade condicional:

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

Em que:

$p(\theta|y)$ é a distribuição posterior dos parâmetros, dadas as observações;

$p(\theta, y)$ é a distribuição conjunta dos parâmetros e das observações;

$p(y)$ é a distribuição marginal das observações.

De acordo com a teoria das probabilidades, sabe-se que:

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

Em que:

$p(y|\theta)$ é a distribuição das observações, dados os parâmetros (verossimilhança);

$p(\theta)$ é a distribuição *a priori* dos parâmetros.

Pelo teorema de Bayes (1763):

$$p(\theta|y) = \frac{p(y|\theta)p(\theta)}{p(y)}$$

Dessa forma, a densidade posterior dos parâmetros $p(\theta|y)$ pode ser calculada através da verossimilhança $p(y|\theta)$, a distribuição *a priori* dos parâmetros $p(\theta)$ e a distribuição marginal das observações $p(y)$.

Como a distribuição marginal das observações é constante (não depende dos parâmetros θ), a densidade *a posteriori* pode ser dada por:

$$p(\theta|y) \propto p(y|\theta) p(\theta)$$

A densidade posterior dos parâmetros é proporcional ao produto da densidade *a priori* e a função de verossimilhança. A distribuição *a priori* é construída com base na credibilidade acerca dos parâmetros ou a partir de resultados experimentais antecedentes. A verossimilhança é a função densidade de probabilidade das observações, dados os parâmetros desconhecidos.

De acordo com Resende (2000), a ideia do teorema de Bayes é combinar a informação *a priori* com a informação proveniente dos dados amostrais, ou seja, combinar a distribuição *a priori* e a função de verossimilhança, originando a distribuição *a posteriori* e tentar medir o grau de incerteza que se tem sobre a ocorrência de um determinado evento amostral. A função de verossimilhança formaliza a contribuição dos dados amostrais para o conhecimento sobre o vetor do parâmetro, visto que a mesma conecta a distribuição *a priori* à distribuição *a posteriori*.

1.3 Método de simulação de Monte Carlo via cadeias de Markov (MCMC)

É um método de simulação estocástica que permite, na análise bayesiana, a estimação de integrais múltiplas que, muitas vezes, requerem a utilização de métodos numéricos não praticáveis (SORENSEN, 1996). A ideia básica na simulação de cadeias de Markov é gerar um processo Markoviano no espaço paramétrico até convergir numa distribuição estacionária, neste caso, a distribuição marginal posterior. Esta é considerada uma amostra aproximada da distribuição alvo definida. A partir desta distribuição posterior, pode-se obter estimativas dos parâmetros, como, por exemplo, a média, a mediana, a moda, o desvio-padrão e percentis.

Os métodos MCMC são computacionalmente intensivos, nos quais uma cadeia estocástica dos valores dos parâmetros é gerada. Após um número conveniente de iterações, chamado *burn in*, os valores desta cadeia assume-se serem amostras de uma distribuição de probabilidade específica. Essas cadeias podem ser construídas de várias formas, nomeadamente através dos métodos de amostragem de Gibbs, que é um método de amostragem, cuja finalidade é gerar números aleatórios para avaliação de integrais (RESENDE, 2000).

1.3.1 Algoritmo de amostragem de Gibbs (Gibbs Sampling)

A amostragem de Gibbs (*Gibbs Sampler*) é um procedimento de integração numérica (simulação estocástica), usada na estimação das distribuições conjunta e marginal de todos os parâmetros do modelo, por meio da reamostragem de todas as distribuições condicionais da cadeia de Markov (BLASCO, 2001). É uma técnica indireta que utiliza processos de aproximação, por meio de amostragem, para gerar variáveis aleatórias, ou seja, 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* (TASSELL & VLECK, 1995). À medida que o número de iterações aumenta, a cadeia aproxima-se da condição

de equilíbrio. Estas distribuições são usadas para estimar os valores dos parâmetros (COSTA, 2008).

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 distancie-se da *priori* e atinja uma distribuição estacionária do parâmetro (TASSELL & VLECK, 1995). Tal descarte impossibilita dependência das amostras, uma vez que naturalmente as amostras sucessivas são correlacionadas entre si (RESENDE, 2000).

Dessa forma, num processo de Amostragem de Gibbs, o número total de iterações é determinado a partir do número de iterações, necessárias para a convergência, do número de iterações descartadas entre cada amostra utilizada nos cálculos e do número total de amostras que se deseja para as aproximações de Monte Carlo.

1.4 Distribuição *a priori*

A informação inicial ou *priori* é o tipo de informação que existe antes de se realizar um experimento. Normalmente, provém de conhecimentos acumulados acerca de experimentos já realizados (RIBEIRO, 2001).

Como já foi dito anteriormente, a informação *a priori* sobre os parâmetros é traduzida pela distribuição *a priori*, a informação amostral pela função de verossimilhança e pela aplicação do teorema de Bayes, dando origem à distribuição *a posteriori*, como sendo a expressão completa do conhecimento total sobre o parâmetro proveniente das duas fontes de informação. Esta última mostra como as credibilidades *a priori* são modificadas pela informação proveniente dos dados. Em geral, quanto maior for o afastamento entre a distribuição *a posteriori* e a função de verossimilhança, maior é o valor da informação *a priori*. O papel da informação *a priori* é, desde logo, bastante decisivo em todo este processo. A quantidade e a qualidade deste tipo de informação

contribuirão com maior ou menor impacto por parte da distribuição *a priori*, para a determinação da distribuição *a posteriori*.

Segundo Nascimento (2011), basicamente, distinguem-se três situações, tais como: *a priori* não informativa, *a priori* pouca informativa (vaga) e a informação *a priori* substancial (informativa). *A priori* não informativa é quando, em determinadas situações, a informação *a priori* é inexistente, ou seja, quando nada se sabe acerca do parâmetro, considera-se que há “ignorância” *a priori*. *A priori* pouca informativa é quando se verifica que a informação amostral é de tal forma dominante que a distribuição *a posteriori*, ou seja, praticamente proporcional à função de verossimilhança, diz-se que existe informação *a priori* vaga. E por fim, *a priori* informativa é quando se tem total conhecimento do parâmetro que se quer estudar.

De acordo com Resende (2000), a distribuição *a priori* tem importância maior quando a quantidade (n) de dados experimentais atuais é pequena. O autor ainda ressalva que, quando se atribui probabilidade zero *a priori*, significa atribuir zero também *a posteriori*, pois, neste caso, sendo $a_{posteriori} = a_{priori} \times \text{verossimilhança}$, não haverá verossimilhança que faça *a posteriori* diferente de zero.

A informação *a priori* pode ser derivada de considerações teóricas ou de análises prévias obtidas em outros experimentos com o mesmo objetivo. Sua influência sobre a distribuição *a posteriori* se dará por meio da função de verossimilhança, que conecta *a priori* à *a posteriori*, usando, para isso, os dados do experimento e, também, considerando a expressão de incerteza do pesquisador na distribuição inicial fornecida (RESENDE, 2000).

De maneira geral a distribuição *a priori* é o fator que diferencia os resultados entre a abordagem clássica e a 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 priores podem ter diferentes conclusões sobre um mesmo parâmetro desconhecido. Por outro lado, argumenta que, no contexto bayesiano, a informação *a priori* é realmente subjetiva, porém, não é arbitrária, e que diferentes graus de incerteza não impedem que duas análises perante os mesmos parâmetros tenham a mesma evidência final (OLIVEIRA, 2009).

1.5 Distribuição *a posteriori*

É uma distribuição que descreve completamente a incerteza sobre o parâmetro após a observação dos dados, levando em conta a distribuição *a priori* através do Teorema de Bayes. Isso representa uma distinção importante entre a Inferência clássica e a Bayesiana, visto que, na abordagem clássica, a incerteza sobre o parâmetro é descrita via o cálculo exato ou estimação (o que é mais comum) do erro padrão de um estimador pontual (NASCIMENTO, 2009). É a partir dela que são feitas as inferências sobre os parâmetros e suas devidas interpretações.

1.6 Diagnósticos de Convergência

A maior dificuldade encontrada atualmente é a respeito da convergência das cadeias de Gibbs. Teoricamente, uma cadeia de Markov converge para sua distribuição de equilíbrio, porém, na prática, certificar a convergência de uma cadeia, gerada por um Amostrador de Gibbs, não é tarefa fácil (WANG et al., 1994). Para que se possa obter maior precisão nas análises, é necessário seguir alguns pré-requisitos para a implementação de algoritmo.

Magnabosco (1997) sugere conhecer as distribuições iniciais, ou seja, a especificação dos parâmetros que irão determinar a forma das distribuições iniciais para cada parâmetro estudado, com base no tipo de informação, sendo informativa, não informativa ou pouco informativa. Em seguida, deve-se proceder ao descarte amostral (burn-in) antes que as amostras produzidas pelo processo iterativo possam ser consideradas amostras das distribuições posteriores. Dessa maneira, além do descarte, deve-se proceder também o salvamento das amostras (thin), que nada mais é que o intervalo de utilização amostral. Sua finalidade é evitar a utilização de amostras correlacionadas no processo iterativo. Após estes dois últimos passos, é possível obter a quantidade total de ciclos gerados no processo iterativo, sendo este intimamente relacionado com a convergência das distribuições posteriores dos parâmetros. A validade dessas distribuições é verificada através do erro de Monte Carlo (SORENSEN et al., 1994).

De acordo com Tassel & Vleck (1996), o erro de Monte Carlo trata-se de uma estatística associada ao erro de estimação de determinado parâmetro, devido ao número de amostras utilizadas na cadeia, ele é estimado através do cálculo da variância das amostras retiradas para cada componente de (co)variância e dividindo-se essa variância pelo número de amostras. Assim, a raiz quadrada desse valor é uma aproximação de desvio-padrão do erro associado ao tamanho da cadeia de Gibbs.

Os métodos, comumente utilizados para diagnosticar a convergência, são aqueles propostos por: Geweke (1992), que se baseia na igualdade de médias da primeira e última parte da cadeia; e Raftery & Lewis (1992), que estima quantas iterações são necessárias para que o Amostrador de Gibbs apresente convergência à distribuição estacionária, sugerindo tamanho descarte da amostra (burn-in) e salvamento de amostras (thin).

1.7 Fator de Bayes

Um ponto fundamental nas análises é a escolha do modelo a ser utilizado, especialmente, quando é preciso decidir entre duas ou mais alternativas. Na inferência Bayesiana, a escolha do modelo é, em geral, baseada na distribuição marginal dos registros, buscando o modelo que melhor prediz o que foi de fato observado nos dados. Normalmente, avalia-se o desempenho global do modelo no ajuste de todos os registros, entretanto, em alguns casos, pode ser interessante avaliar o modelo com respeito a um subconjunto de observações, de interesse diferenciado.

De acordo Cardoso (2008), o Fator de Bayes (FB) é uma medida global de ajuste dada pela razão entre distribuições marginais dos dados:

Sejam duas hipóteses, H_0 sob o modelo M_0 , conhecida como hipótese nula, e H_1 sob o modelo M_1 , conhecida como hipótese alternativa:

As densidades de probabilidades $pr(Y/H_0)$ e $pr(Y/H_1)$ são as distribuições preditivas sob modelo M_0 e o modelo M_1 , respectivamente. Então:

H_0 : hipótese sob modelo M_0 , e

H_1 : hipótese sob o modelo M_1 .

Através do cálculo do FB, é possível verificar qual modelo ajusta-se melhor aos dados. O FB é definido como:

$$B_{01} = \frac{pr(Y|H_0)}{pr(Y|H_1)}$$

Não há necessidade de os modelos serem aninhados como no teste da razão da verossimilhança, mas é preciso que todas as especificações de priores sejam próprias para que as comparações sejam válidas. Assim, várias interpretações acerca deste critério de modelagem, através de tabelas de calibragem, são empregadas como, por exemplo, a de Kass & Raftery (1995) e a *deviance* (desvio) do modelo i , baseado no estimador dos Fatores de Bayes, que pode ser obtida por $(-2 \log L)$ e, neste caso, menores valores indicam um melhor ajuste, isto é, um menor desvio do modelo hipotético de ajuste perfeito (CARDOSO, 2008).

1.8 Critério de informação da *deviance* (DIC)

O DIC é um critério particularmente usual nos problemas bayesianos de seleção de modelos para os quais as amostras da distribuição *a posteriori* dos parâmetros dos modelos foram obtidas por simulação de Monte Carlo em Cadeia de Markov (MCMC) (CARDOSO, 2008). A finalidade é compensar o modelo com menores efeitos/parâmetros. É composto por uma medida de ajuste global – a média *a posteriori* da *deviance* - e uma penalização por complexidade do modelo (número efetivo de parâmetros, pD) – a diferença entre a média *a posteriori* da *deviance* e a *deviance*, baseada na média *a posteriori* dos parâmetros do modelo. De acordo com Spiegelhalter et al. (2002), o DIC é representado da seguinte maneira:

$$DIC = D(\theta) + 2pD$$

Em que,

$D(\theta)$ é o desvio calculado na média *a posteriori* da *deviance*;

pD é a penalização por complexidade do modelo (número efetivo de parâmetros no modelo);

$pD1 - pD2$: diferença de parâmetros.

Uma maneira simples de compreensão para identificar o modelo de melhor ajuste é analisar menores valores de DIC, pois estes são considerados mais adequados, pois apresentam ajuste ponderado pelo grau de complexidade.

II - MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados foram provenientes de animais do controle de desenvolvimento ponderal da raça Tabapuã, da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), criados no estado da Bahia. Foram utilizadas informações de pedigree de bovinos, nascidos no período de 1975 a 2010, dados dos pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade (Tabela 1).

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, no estado da Bahia.

Características (Kg)	Nº de observações	Nº de GC
P205	19379	2700
P365	13887	2084
P550	12015	1611

Para edição do banco de dados, análise descritiva e remoção dos *outliers*, foi utilizado o programa *Statistical Analysis Software* (SAS).

3 Softwares para estimação dos componentes de (co)variância e valores genéticos

Os componentes de (co)variância, os valores genéticos, os parâmetros genéticos e as soluções para os efeitos fixos e aleatórios foram estimados através do modelo uni-característico pelo método REML e bayesiano, utilizando os *softwares* (MTDFREML-*Multiple Trait Derivativ Free Restricted Maximum Likelihood*), descrito por Boldman et al. (1995) e (GIBBS3F90) por Misztal (2012), respectivamente.

3.1 Efeitos fixos

Para todas as características estudadas via REML, os efeitos fixos considerados no modelo de análise foram: o grupo de contemporâneos e a idade da vaca ao parto (linear e quadrática) como covariável. Pelo método bayesiano, todos os efeitos são considerados como aleatórios.

3.2 Grupo de contemporâneos (GC)

Com o intuito de agrupar os animais que foram submetidos às condições de desenvolvimento semelhantes, foram formados os grupos de contemporâneos. As fontes de variação consideradas foram: sexo (*sex*), ano (*an*), época de nascimento (*ep*), regime alimentar (*ra*), condição de criação (*cc*), fazenda (*f*) e número da fazenda (*nf*).

Grupos de contemporâneos com menos de três animais foram excluídos das análises.

Composição dos grupos de contemporâneos (GC):

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

GC205 = GC + informações do peso aos 205 dias

GC365 = GC + informações do peso aos 365 dias

GC550 = GC + informações do peso aos 550 dias

3.3 Efeitos aleatórios

Levou-se em consideração, para os pesos P205 e P365, modelos que incluíram os efeitos aleatórios genéticos aditivos (direto e materno), efeito de ambiente permanente materno, a covariável idade da vaca ao parto (efeitos linear e quadrático). Para o P550, apenas o efeito genético aditivo direto foi considerado como aleatório.

3.4 Modelagem dos parâmetros genéticos

O modelo empregado para a metodologia de REML pode ser descrito na forma matricial da seguinte maneira:

$$Y = X\beta + Za + Mm + Wpm + e$$

Em que:

Y = vetor das variáveis dependentes (P205, P365 e P550);

β = vetor de efeitos fixos no modelo, associados à matriz de incidência X ;

a = vetor dos efeitos aleatórios de valor genético aditivo direto do animal, associado com a matriz de incidência Z ;

m = vetor dos efeitos genéticos maternos, associados com a matriz de incidência M ;

pm = vetor dos efeitos aleatórios de ambiente permanente da vaca, associado com a matriz de incidência W ;

e = vetor dos efeitos residuais.

As distribuições e matriz de variância e (co)variância dos efeitos aleatórios foram assim definidas:

$$\text{Var} \begin{pmatrix} a \\ m \\ p \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} A\sigma^2a & A\sigma am & 0 & 0 \\ A\sigma am & A\sigma^2m & 0 & 0 \\ 0 & 0 & IV\sigma^2ep & 0 \\ 0 & 0 & 0 & IN\sigma^2e \end{pmatrix}$$

Em que: σ^2a = variância genética aditiva direta; σ^2m = variância genética aditiva materna; σam = covariância genética entre os efeitos aditivos direto e materno; A = matriz de parentesco; σ^2ep = variância do ambientes permanente materno; σ^2e = variância residual; IV , IN = matrizes identidade de ordens; V = número de vacas (mães dos animais com dados) e N = número total de animais com dados.

Sob o enfoque bayesiano, o modelo adotado seguiu as seguintes pressuposições, assumindo que a distribuição dos dados (b, a, c, e) é normal multivariada:

$$y|b, a, m, pm, e \sim N(Xb + Za + Mm + Wpm + Ie); a|\sigma^2 a \sim N(0, A\sigma^2 a); m|\sigma^2 m \sim N(0, A\sigma^2 m); pm|\sigma^2 pm \sim N(0, IV\sigma^2 pm); e|\sigma^2 e \sim N(0, IN\sigma^2 e)$$

Em que: $\sigma^2 a$, $\sigma^2 m$, $\sigma^2 pm$ e $\sigma^2 e$ são componentes de variância genético aditivo direto, materno, de ambiente permanente e residual; A é a matriz de numeradores do coeficiente de parentesco e I é a matriz identidade de ordem igual ao número de animais com observações.

Na análise bayesiana, os efeitos inclusos no modelo são considerados variáveis aleatórias. Para o valor de b , assumiu *priori* informativa com base em valores referenciais de bibliografias para a raça em estudo.

3.5 Estimativa de herdabilidade direta

O coeficiente de herdabilidade é a fração da variância fenotípica, que é devida à ação aditiva dos genes, ou seja:

$$h^2 a = \frac{\sigma^2 a}{\sigma^2 p}$$

Em que:

$$\sigma^2 p = \sigma^2 a + \sigma^2 m + \sigma^2 ep + \sigma^2 e$$

Em que,

$\sigma^2 a$ = variância genética aditiva;

$\sigma^2 m$ = variância genética materna;

$\sigma^2 ep$ = variância do efeito permanente de ambiente materno

$\sigma^2 e$ = variância residual

Para as características nas quais foram consideradas o efeito materno, a fórmula de cálculo é:

$$h^2m = \frac{\sigma^2m}{\sigma^2p}$$

3.6 Tendências genéticas, maternas e fenotípicas

As estimativas das tendências genéticas, fenotípicas e maternas 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, obtidas pelo procedimento PROC REG SAS (SAS, 2002), a partir dos arquivos de saída (MTDF78/MTDFRUN/MTDFREML) e do POSTGIBBS_SAMPLES/POSTGIBBSF9 (GIBBS3F90), utilizando-se a seguinte equação:

$$Y = b + b1x + e$$

Em que: Y = valor genético para as características avaliadas do ano de nascimento; b = intercepto; $b1$ = coeficiente angular da reta; x = ano de nascimento; e = erro aleatório.

3.7 Critério de Convergência para o MTDFREML

Para o método frequentista, empregou-se o procedimento *Simplex* para localizar o mínimo de $-2 \log L$, em que L é logaritmo da função de verossimilhança restrita. Considerou-se a convergência atingida, quando a variância dos parâmetros a serem estimados no *Simplex* fosse menor que 10^{-6} e, para assegurar que este valor corresponderia ao máximo global de log, o programa era reiniciado, utilizando-se como valores iniciais as estimativas da análise anterior, até o momento em que o resultado do $-2 \log$ da função da verossimilhança não se alterava mais nas últimas três análises.

3.8 Critério de Convergência para o (GIBBS3F90)

De acordo com Faria et al. (2007), o processo iterativo realizado pelos método MCMC teve fim apenas quando o número máximo de iterações se estabeleceu ou o critério de convergência foi alcançado. Na prática, admite-se convergência da cadeia quando o processo estocástico alcança um estado de estacionariedade (equilíbrio), significando que as condicionais completas estão próximas das distribuições marginais *a posteriori*, o que pode ser verificado com a utilização de diferentes critérios (NOGUEIRA et al., 2004).

Por meio de métodos Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC), usando o Amostrador de Gibbs, rodou-se uma amostra piloto com uma cadeia total de 100.000 ciclos, um período de descarte (*burn-in*) de 10.000 e um (1) de intervalo de salvamento (*thinning*) para todas as características.

Para definir a quantidade ideal de iterações necessárias para que o Amostrador de Gibbs apresentasse convergência à distribuição estacionária, foi utilizado o critério de Raftery & Lewis nas amostras pilotos. O método fornece estimativas do número de iterações que devem ser computadas (total), o número de iterações iniciais que devem ser descartadas (*burn-in*) e da distância mínima de uma iteração à outra para se obter a subamostra, aproximadamente independente (*thin*) (RAFTERY & LEWIS, 1992).

A convergência da cadeia de Gibbs para as amostras sugeridas pelo teste de Raftery & Lewis foi verificada com base no arquivo de saída (*postgibbs_samples*), gerado pelo programa POSTGIBBSF90 (MISZTAL, 2012) e testada através do critério de Geweke. Tal critério é um diagnóstico de convergência para Cadeias de Markov, baseados 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 do algoritmo foi verificada a um nível de significância de 5% para o teste, sob a hipótese nula H_0 . Neste caso, o teste considera H_0 como convergência da cadeia, ou seja, não se deseja rejeitar H_0 , portanto, quanto maiores os valores de p-valor (acima de 0,05) mais próximos da convergência está a cadeia (GEWEKE, 1992).

É importante frisar que o método de Geweke não deve ser aplicado sozinho, devendo ser combinado com outro método, pois seu resultado favorável à convergência é uma condição necessária, mas não suficiente para garantir a convergência. Dessa

maneira, o emprego de gráfico de traço (editados em Excel) para a visualização do critério de Geweke, a fim de acompanhar a convergência, é interessante, uma vez que espera-se que o gráfico de traço se adapte dentro de uma amplitude de valores aceitáveis, quando atingirem estacionariedade.

Os testes de Raftery & Lewis e de Geweke foram realizados pelo o pacote estatístico do *software* R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2008) - Bayesian Output Analysis - BOA (SMITH, 2007).

A qualidade da amostra é fundamental para se realizar inferência, por isso, o erro de Monte Carlo deve também ser averiguado. Trata-se do erro da estimação do parâmetro em virtude do número de amostras usadas na cadeia de Gibbs. Ele é estimado através do cálculo da variância das amostras retiradas para cada componente de (co)variância e posterior divisão dessa variância pelo número de amostras. Assim, a raiz quadrada desse valor é uma aproximação do desvio-padrão do erro associado com o tamanho da cadeia de Gibbs.

Segundo Sorensen et al. (1994), o erro de Monte Carlo permite verificar a acurácia das estimativas médias das distribuições *posteriori*. Porém, é necessário definir o tamanho da cadeia de Gibbs, porque ele está intimamente relacionado com a convergência das distribuições *a posteriori* dos parâmetros. Esse erro decorre do número de amostras usadas da cadeia de Gibbs, sendo, portanto, inversamente proporcional ao tamanho da cadeia. Através dele é possível analisar as oscilações das estimativas em volta da média *a posteriori* de cada componente (GEWEKE, 1992).

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

Tabela 2. Definição do número total de iterações, descarte e salvamento para os pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade após teste de convergência pelo critério Raftery e Lewis.

Características	Cadeia Total	Burn-in	Thin	Total de amostras
P205	300.000	30.000	3	90.000
P365	500.000	50.000	5	90.000
P550	100.000	10.000	1	90.000

O estimador Kernel (disponível do software SAS, 2002) foi usado 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.

3.9 Seleção do Modelo

A comparação de modelos serve para a escolha daquele que melhor descreve o fenômeno. Para isso, foram adotados dois critérios de seleção, o Critério de Informação da Deviance (DIC) e o Fator de Bayes (FB).

Diversas são as interpretações para diagnosticar o modelo de melhor ajuste, quando se trata da utilização do FB. Na maioria das vezes, o uso de tabelas de calibragem para os possíveis valores da razão das probabilidades posteriores marginais de dois modelos é mais comum. A partir destes valores é possível montar intervalos e, nestes, pode-se identificar o melhor modelo, sendo ele subdividido em quatro categorias: insignificante, significativa, forte ou muito forte.

Outra forma mais prática de avaliação de melhor ajuste se dá através da *deviance* (desvio) do modelo baseado no estimador do FB, que pode ser obtido pelo valor de $-2 \log L$ do modelo, que nada mais é do que o valor do logaritmo da função de verossimilhança. Neste caso, menores valores indicam um melhor ajuste, isto é, um menor desvio do modelo hipotético de ajuste perfeito.

O Critério de Informação da Deviance (DIC) também é um método de comparação de modelos, cuja principal finalidade é compensar o modelo com menores efeitos/parâmetros. Ele sugere que comparações entre modelos sejam baseadas na distribuição *a posteriori* da *deviance* (desvio) de cada modelo, ou seja, a diferença entre a média *a posteriori* da *deviance* e a *deviance*, baseada na média *a posteriori* dos parâmetros do modelo. Dessa maneira, o desvio é obtido usando o método de Monte Carlo em Cadeia de Markov.

Segundo Spiegelhalter et al. (2002), o DIC é uma medida de complexidade do modelo, em que valores menores podem ser considerados mais adequados, pois apresentam ajuste ponderado pelo grau de complexidade.

Os valores de DIC foram obtidos diretamente através do programa GIBBS3F90, logo após o término do processo iterativo. Por sua vez, os valores FB foram obtidos através do programa POSTGIBBSF90, após a geração das distribuições *a posteriori*. As interpretações dos dados seguiram os trabalhos de Spiegelhalter et al. (2002) e Cardoso (2008), nos quais menores valores tanto para o DIC quanto para FB são os mais indicados, pois sugerem melhor ajustamento dos modelos.

Os modelos utilizados foram:

- Modelo 1 (M1): efeito genético aditivo direto e materno, efeito de ambiente permanente e residual (modelo completo);
- Modelo 2 (M2): efeito genético aditivo direto e materno e residual;
- Modelo 3 (M3): efeito genético aditivo direto e residual.

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

$$M1: \mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{M}\mathbf{n} + \mathbf{W}\mathbf{ep} + \mathbf{e};$$

$$M2: \mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{M}\mathbf{n} + \mathbf{e};$$

$$M3: \mathbf{y} = \mathbf{Z}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e};$$

Em que:

\mathbf{y} = vetor de observações da variável dependente (P205, P365 e P550);

$\boldsymbol{\beta}$ = vetor de efeitos fixos no modelo, associados a \mathbf{y} através da matriz de incidência de \mathbf{X} ;

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

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

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

\mathbf{e} = vetor dos efeitos residuais.

3.10 Correlações

Os valores genéticos dos animais, para os pesos aos 205, 365 e 550 dias de idade, foram estimados pelo programa MTDFREML e GIBBS3F90 e correlacionados a partir do programa SAS (2002), utilizando o procedimento CORR PEARSON para todos os animais do pedigree.

Os modelos comparados foram: M1 e M3.

Em relação aos valores de DEPs, as comparações foram feitas visualmente, verificando se os 10 melhores animais em um modelo foram os mesmos presentes no outro.

Foram também estimadas as correlações de Spearman entre as DEPs dos modelos escolhidos, estimados através do método bayesiano, a partir do programa SAS (2002), utilizando o procedimento CORR SPEARMAN. Foram selecionados todos os animais do pedigree, 10, 5 e 1% dos melhores animais, para todas as características de crescimento.

III - RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias dos pesos (Tabela 3) para as três características de crescimento P205 ($175,91 \pm 29,51$); P365 ($230,62 \pm 38,88$) e P550 ($299,55 \pm 58,25$) estão próximas aos observados por Ribeiro et al. (2009) em Tabapuã no estado de São Paulo: P205 ($172,53 \pm 21,55$); P365 ($221,94 \pm 29,82$) e P550 ($281,25 \pm 37,86$) e por Ferraz Filho et al. (2002) de outras regiões brasileiras: P205 ($170,30 \pm 24,51$); P365 ($222,40 \pm 36,29$) e P550 ($286,45 \pm 55,41$).

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 estado da Bahia.

Características (Kg)	Média	DP	Moda	Mediana	CV%
P205	175,91	29,51	178,00	176,00	16,77
P365	230,62	38,88	230,00	288,00	16,86
P550	299,55	58,25	285,00	295,00	19,44

DP= desvio padrão; CV%= coeficiente de variação.

Constatou-se convergência pelo critério de Geweke ($p > 0,05$), com 300.000 amostras para P205; 500.000 P365 e 100.000 P550. A convergência foi corroborada pelos gráficos de traço (Figuras 1, Figuras 2 e Figuras 3), que descreveram uma amplitude de valores favoráveis, em torno da média, quando atingiram a estacionariedade.

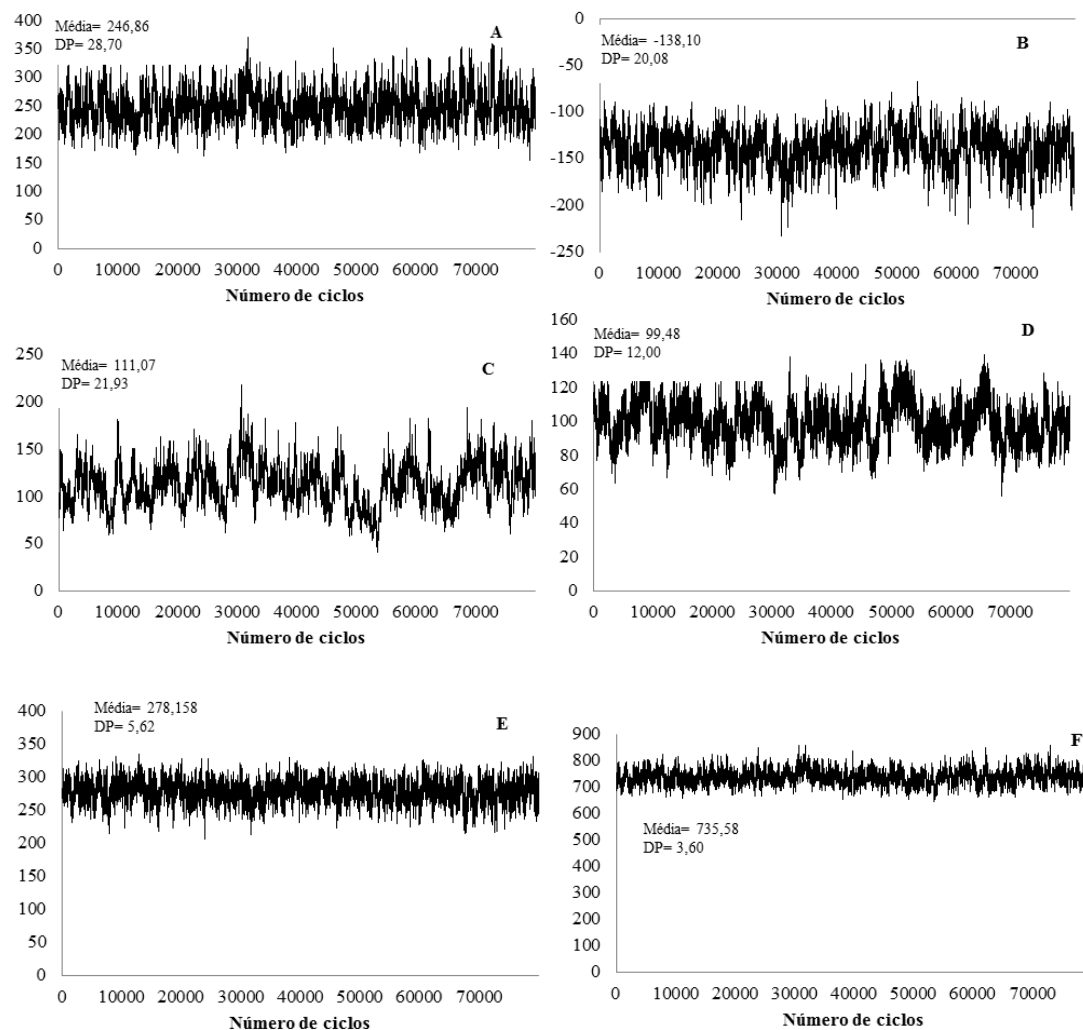


Figura 1. Médias, desvio padrão e gráficos de traço dos componentes de (co)variância versus ciclos Cadeia de Markov do peso P205 dias para variância genética aditiva (A), covariância entre o efeito genético e materno (B), variância materna (C), variância do efeito permanente (D), variância ambiental (E), variância fenotípica (F).

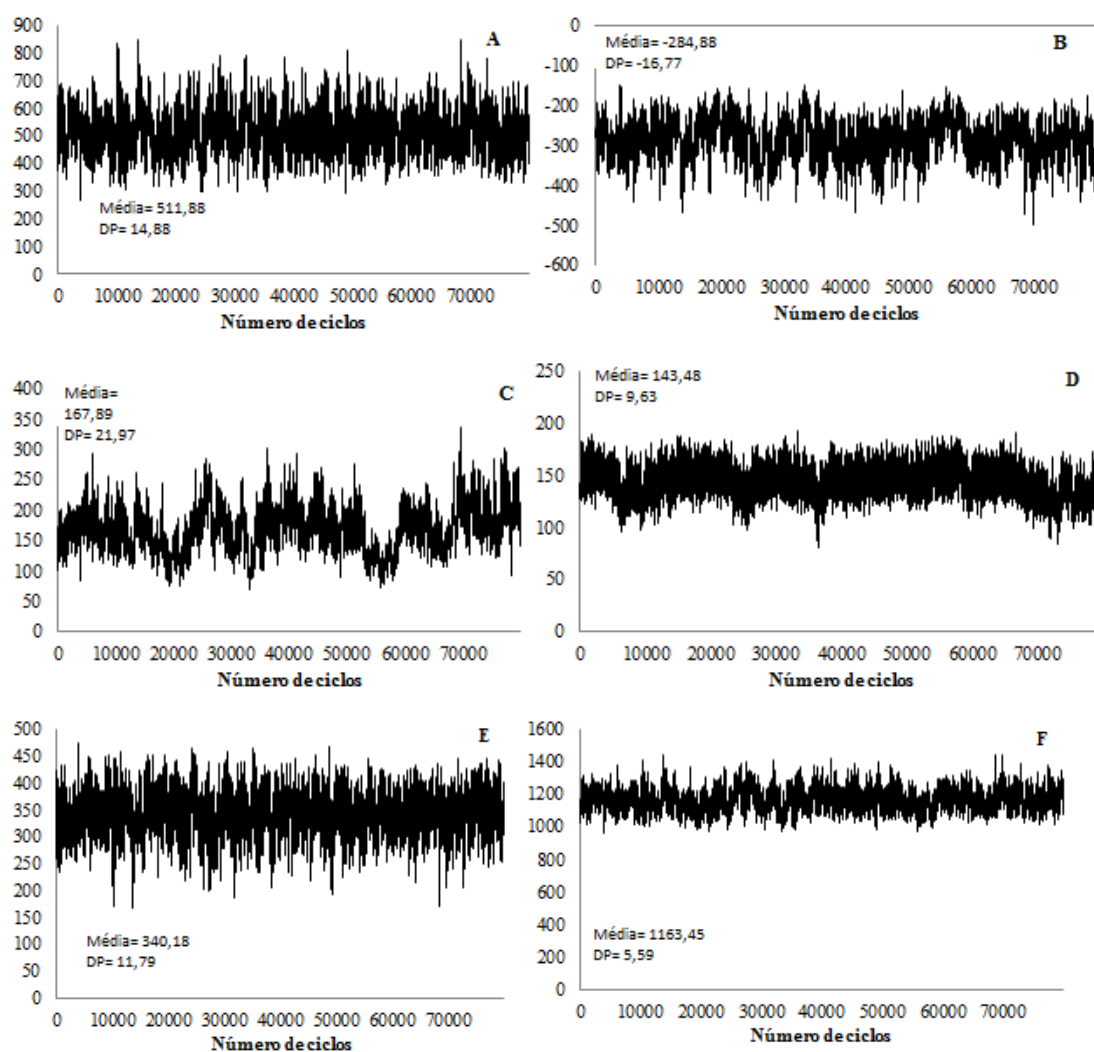


Figura 2. Médias, desvio padrão e gráficos de traço dos componentes de (co)variância versus ciclos Cadeia de Markov do P365 dias para variância genética aditiva (A), covariância entre o efeito genético e materno (B), variância materna (C), variância do efeito permanente (D), variância ambiental (E), variância fenotípica (F).

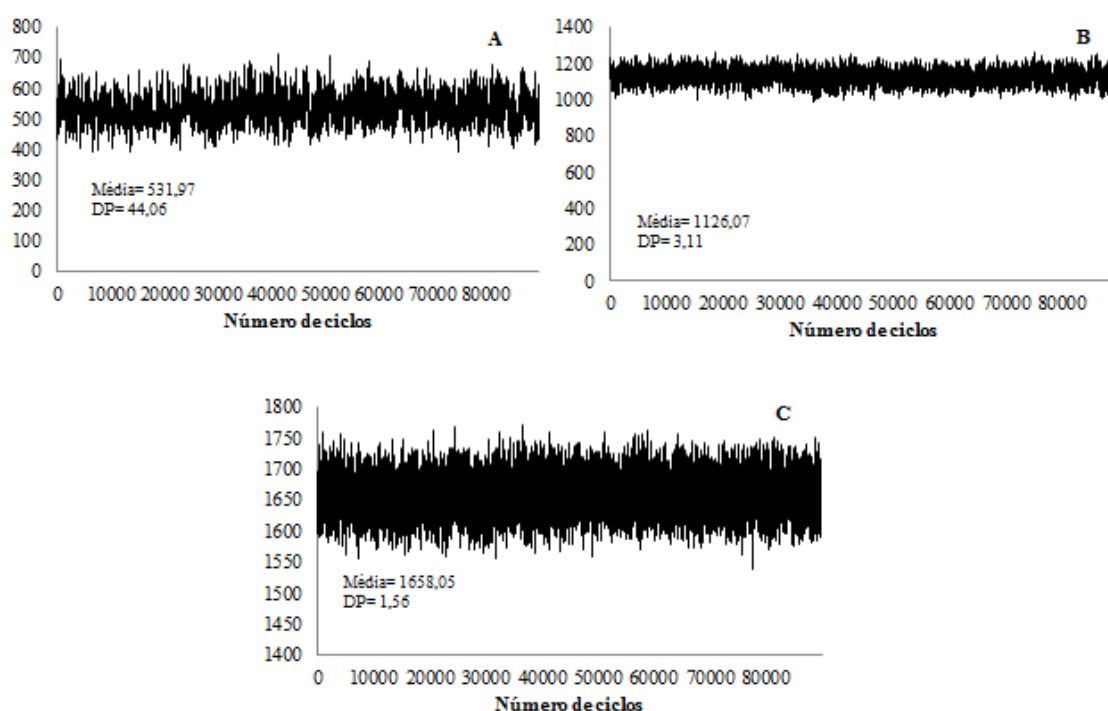


Figura 3. Médias, desvio padrão e gráficos de traço dos componentes de (co)variância versus ciclos Cadeia de Markov para P550 dias para variância genética aditiva (A), variância ambiental (B), variância fenotípica (C).

Para o número total de iterações, definidas após testes de convergência, foi possível observar que as densidades marginais posteriores apresentaram tendência à normalidade, sob modelo univariado (Figuras 4), (Figuras 5) e (Figuras 6). Dessa maneira, as médias dos componentes de (co)variância e de parâmetros genéticos foram usadas como valores das estimativas.

De acordo com Carlin & Louis (2000), valores semelhantes são esperados para uma densidade *posteriori* marginal, que segue uma distribuição normal. Madureira et al. (2009), utilizando a inferência bayesiana na predição de valores genéticos para bovinos, afirmam que tamanhos amostrais, relativamente menores, apresentam distribuições *a posteriori* para os componentes de variância mais assimétricas e, conseqüentemente, as respectivas médias são diferentes das modas.

Lin et al. (2001) avaliaram o comportamento das distribuições marginais posteriores, utilizando dados de pequenas populações, e obtiveram simetria na distribuição posterior dos parâmetros com menor variação. Neste estudo, os valores entre médias e modas apresentaram pouca diferença, assim, a pouca assimetria dos componentes de variância (Figura 4) optou-se por usar a média.

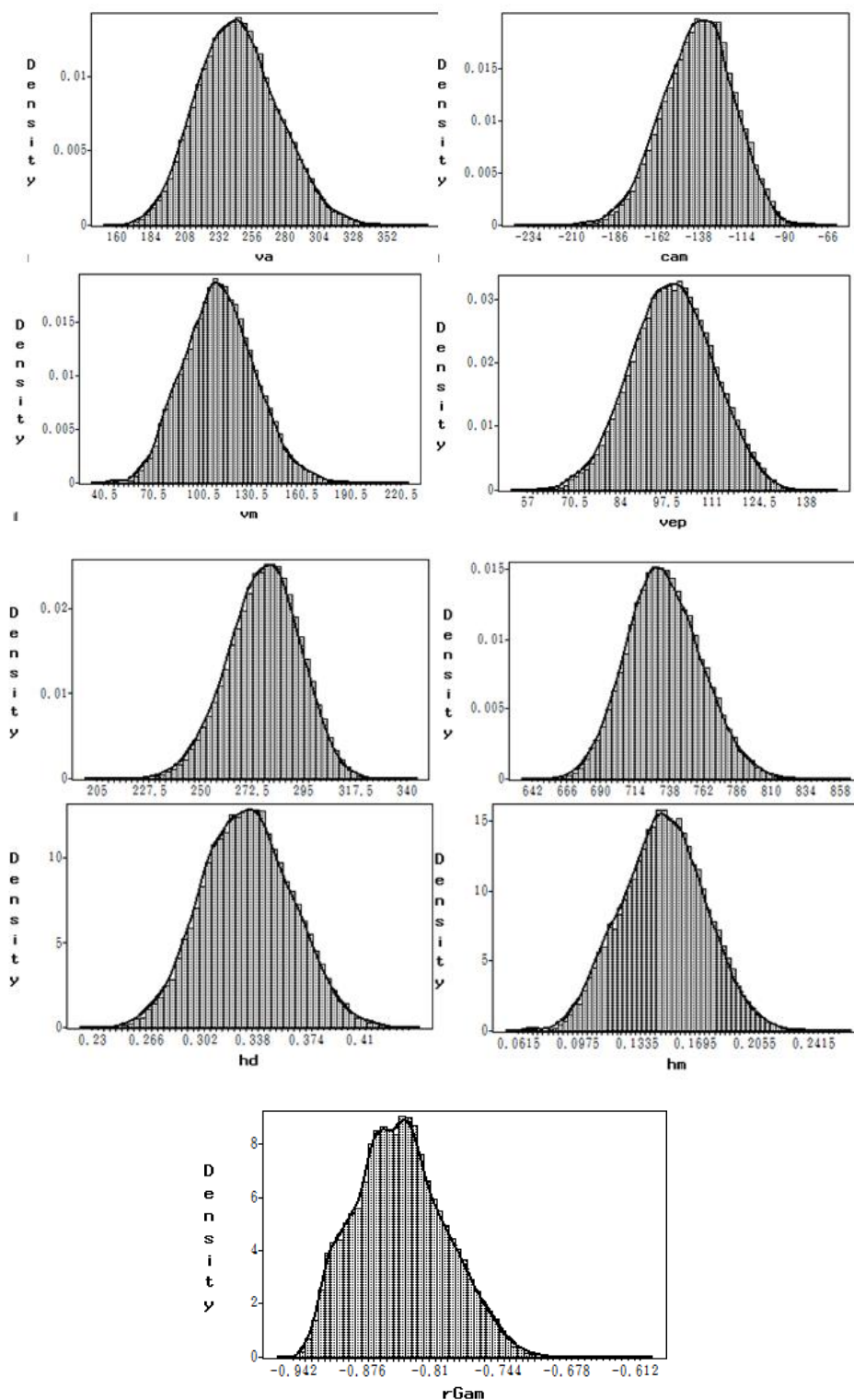


Figura 4. Distribuição das densidades posteriores médias do peso aos 205 dias para Va = variância genética aditiva, Cam = covariância entre o efeito genético e materno, Vm = variância materna, Vep = variância do efeito permanente, Ve = variância ambiental, Vp = variância fenotípica, ha = herdabilidade direta, hm = herdabilidade materna e $rGam$ = correlação entre o efeito genético e materno.

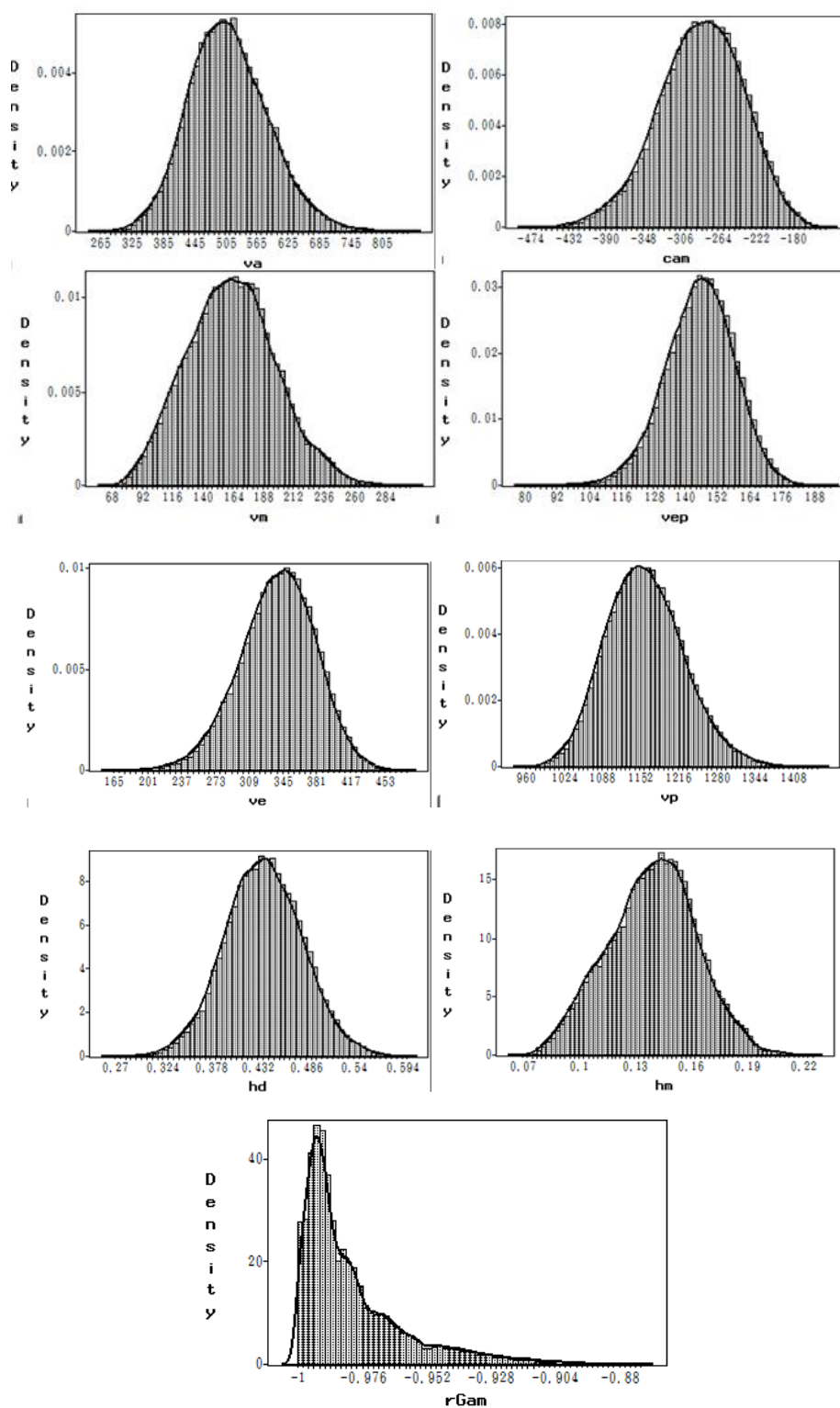


Figura 5. Distribuição das densidades posteriores médias do peso aos 365 dias para Va= variância genética aditiva, Cam= covariância entre o efeito genético e materno, Vm= variância materna, Vep= variância do efeito permanente, Ve= variância ambiental, Vp= variância fenotípica, ha= herdabilidade direta, hm= herdabilidade materna e rGam= correlação entre o efeito genético e materno.

Magnabosco et al. (2003), em estudos com a raça Nelore, observaram que as densidades marginais posteriores apresentaram mais estabilidade e, conseqüentemente, tendência à normalidade, quando o tamanho da cadeia amostral foi de 200.000 ciclos.

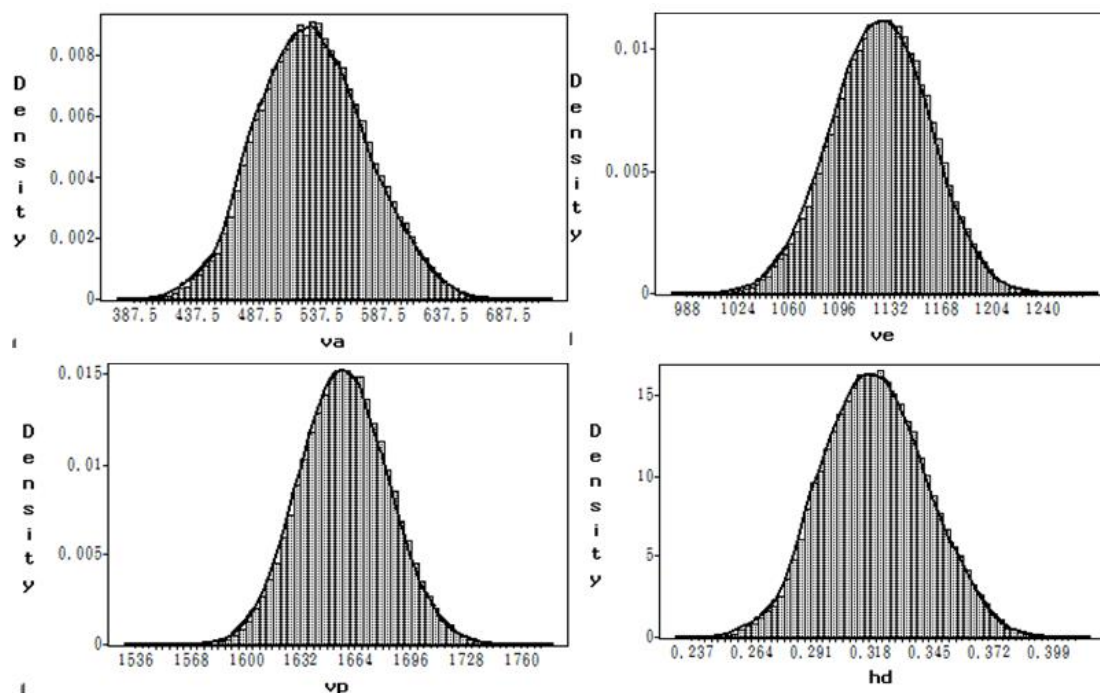


Figura 6. Distribuição das densidades posteriores médias do peso aos 550 dias para Va= variância genética aditiva, Ve= variância ambiental, Vp= variância fenotípica, ha= herdabilidade direta.

A maior parte dos trabalhos referentes à inclusão ou não dos efeitos maternos abordam mudanças nos valores das estimativas dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos. Entretanto, um ponto fundamental nas análises é a escolha do modelo mais apropriado a ser utilizado, especialmente, quando é preciso decidir entre duas ou mais alternativas.

De acordo com Barbosa (2007), o modelo é uma representação matemática da medida de uma característica qualquer e, por definição, jamais é perfeito. Assim, ao selecionarmos modelos, é preciso ter em mente que não existem modelos verdadeiros, mas aqueles aproximados da realidade.

Observaram-se menores valores de $-2 \log L$ do Fator de Bayes e do Critério de Informação da *Deviance* para as três características, quando considerou o M1 (modelo

completo), o qual levou em consideração os efeitos maternos e de ambiente permanente (Tabela 4).

Tabela 4. Valores de FB - Fator de Bayes e DIC – Critério de Informação da Deviance para os pesos P205, P365 e P550 dias de idade de animais da raça Tabapuã do estado da Bahia.

	-2 log (FB)	DIC
P205		
M1	167629,6	174550,0
M2	170493,8	176623,1
M3	168362,5	174810,9
P365		
M1	117341,2	120242,7
M2	119715,0	122478,9
M3	117353,8	120693,6
P550		
M1	124804,8	128037,2
M2	128249,6	132052,9
M3	125206,6	128941,4

M1= modelo padrão, M2= modelo sem efeito permanente e M3= modelo apenas com efeito genético aditivo.

Em relação ao desenvolvimento do bezerro, o efeito materno está estreitamente ligado ao ganho de peso, aos diferentes ambientes que cada vaca pode oferecer para sua cria, durante o período de gestação e aleitamento, a produção de leite e a habilidade materna. Campêlo et al. (2001), estudando animais da raça Tabapuã em análise com efeito materno, encontraram valores de verossimilhança (-2 log L), por REML, menores com a inclusão dos efeitos maternos nos modelos. Esse resultado foi acentuado principalmente em idades padrão aos 120 e 240 dias de idade e pouca influência materna aos 420 dias de idade.

Observaram-se valores crescentes para os efeitos maternos incluídos no modelo completo (Tabela 5): $\sigma^2_m = 111,07$ (P205); $\sigma^2_m = 167,89$ (P365) e $\sigma^2_m = 377,89$ (P550) e $\sigma^2_{ep} = 99,5$ (P205); $\sigma^2_{ep} = 143,50$ (P365) e $\sigma^2_{ep} = 139,38$ (P550). Com isso evidencia-se a importância desses efeitos até mesmo na fase de pós-desmama, na qual, geralmente, os pesos são mais influenciados pelos genes do próprio animal.

Segundo Meyer (1992), quando se considera os efeitos maternos nos modelos, as variâncias do efeito genético direto diminuem, por causa da variância genética materna e de ambiente permanente. Em contrapartida, o conhecimento destes efeitos,

principalmente nos pesos pré e pós-desmama, é fundamental na avaliação genética do rebanho, já que há tendência de antagonismo entre os efeitos genético direto e materno.

Ferreira et al. (1999) também defendem a ideia de incluir os efeitos maternos nos modelos com base na separação da fração genética da ambiental e determinação da importância relativa dos efeitos aditivos genéticos direto e materno, necessários quando se pretende formular planos de melhoramento animal, principalmente na fase pré-desmama (FERNANDES et al., 2002).

Baldi et al. (2007), verificando a significância dos efeitos aleatórios com base no teste de razão de verossimilhança, em cinco diferentes modelos, concluíram que houve redução significativa do $-2 \log L$, quando os efeitos aleatórios aditivo materno e de ambiente permanente materno foram incluídos no modelo na raça Canchim. Concluíram também que o peso obtido até desmama é mais influenciado pelos efeitos maternos que pelos genes para crescimento do próprio animal e obtiveram herdabilidades direta e maternas de até 0,21 e 0,09, respectivamente.

As proporções do efeito materno e de ambiente permanente mantiveram-se praticamente iguais para todas as características, inclusive para o peso aos 550 dias de idade (Figura 7A), sugerindo que, mesmo para esta idade, a influência materna foi importante e não pode ser excluída do modelo.

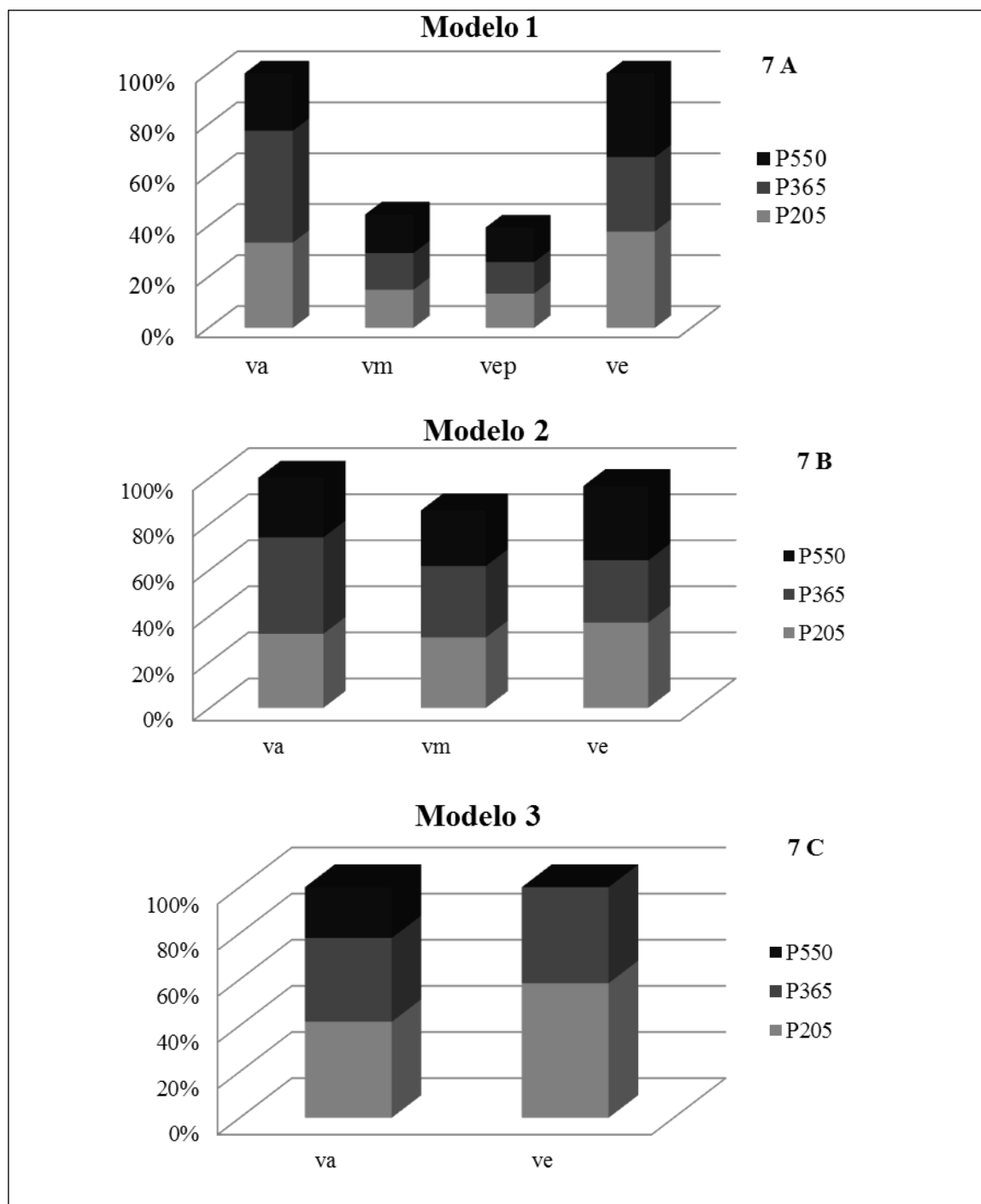


Figura 7. Proporção dos componentes de variância: va= variância aditiva direta; vm= variância materna; vep= variância do efeito permanente e ve= variância residual do Modelo 1; va= variância aditiva direta; vm= variância materna e ve= variância residual do Modelo 2 e va= variância aditiva direta e ve= variância residual do Modelo 3 para as características de pesos aos 205, 365 e 550 dias de idade.

Resultados semelhantes também foram descritos por Meyer (1993), ao afirmar que a influência dos efeitos maternos sobre os pesos pós desmama é consequência de pesos anteriores a esta idade. Cucco (2008), trabalhando com animais da raça Pardo Suíço, observou baixa influência do efeito permanente nos pesos pós-desmama, encontrando para $\sigma^2_a= 412,72$; $\sigma^2_m= 284,34$ para P365 e $\sigma^2_a=374,01$; $\sigma^2_m= 289,66$ para P550, valores muito menores comparados com o M1 (Tabela 5).

É possível notar que, quando o efeito permanente não foi incluído nos modelos, a variância genética materna aumentou e, dessa maneira, superestimou a herdabilidade materna para os pesos aos 205 e 365 dias (Tabela 5). Por outro lado, o valor da herdabilidade direta foi semelhante para todos os pesos, quando comparada com a do modelo M1. Resultado semelhante foi encontrado no trabalho realizado por Jacinto et al. (2005), com animais da raça Tabapuã no Nordeste, para peso aos 205 dias de idade. Estes autores encontraram variância materna de 71,69 e herdabilidade materna de 0,14 e não consideraram a covariância genética-materno entre os efeitos direto e materno.

Ribeiro et al. (2001), considerando a covariância genético-materna entre os efeitos direto e materno, e incluindo apenas o efeito materno, em bovinos Nelore, encontraram herdabilidades maternas de 0,36 e 0,44 para P365 e P550, respectivamente. Muitos autores sugerem pelos menos um dos efeitos (permanente ou materno) no modelo, tornando-o menos complexo e facilitando as análises das estimativas. Porém, a ausência de um pode superestimar o outro e vice-versa.

Dessa maneira, torna-se importante a separação destes efeitos em diferentes idades do animal, proporcionando melhor distribuição das estimativas dos parâmetros, não mascarando a diferença deste efeito entre os animais, além de reduzir o efeito residual.

Fernandes & Ferreira (2000), através da metodologia REML, mostraram que, quando pelo menos um efeito (materno ou permanente) foi incluído no modelo, não houve diferença significativa, quando comparados ao modelo completo, sendo o valor de $-2 \log L$ igual a 34374,97 para todos os modelos. No entanto, observaram diferenças nas estimativas de variância do efeito permanente e materno, quando ambos os efeitos foram incluídos separadamente e concluíram que os modelos mostraram-se mais semelhantes.

O mesmo foi observado por Scarpati & Lôbo (1999) que, ao considerarem os efeitos maternos de origem genética e de ambiente, simultaneamente no modelo, não observaram diferença significativa ao compará-los com o modelo que contemplava o efeito materno. Esses autores sugeriram como mais adequado o modelo com a ausência do efeito permanente, obtendo herdabilidade direta de 0,20 e herdabilidade materna de 0,13 do peso ao nascimento, em animais da raça Nelore.

Tabela 5. Estimativas dos componentes de (co)variância, herdabilidades diretas e maternas 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 no estado da Bahia.

Modelos	P205						
	σ^2a	σ^2m	σ^2ep	σ^2e	σ^2p	h^2d	h^2m
M1	246,86	111,07	99,5	278,15	735,58	0,33	0,15
M2	251,89	239,63	----	289,99	781,51	0,32	0,30
M3	250,27	----	----	350,64	600,92	0,41	----
Modelos	P365						
	σ^2a	σ^2m	σ^2ep	σ^2e	σ^2p	h^2d	h^2m
M1	511,88	167,89	143,50	340,18	1163,45	0,43	0,14
M2	549,85	400,84	----	340,01	1290,71	0,42	0,31
M3	306,82	----	----	537,08	843,90	0,36	----
Modelos	P550						
	σ^2a	σ^2m	σ^2ep	σ^2e	σ^2p	h^2d	h^2m
M1	1018,39	377,89	139,38	762,44	2298,11	0,44	0,16
M2	1072,33	579,58	----	756,46	2408,38	0,44	0,24
M3	531,95	----	-----	1126,01	1657,97	0,32	----

M1= modelo animal padrão, M2= modelo animal sem efeito permanente e M3= modelo animal apenas com efeito genético aditivo.

σ^2a = variância genética aditiva direta; σ^2m = variância genética aditiva materna; σ^2ep = variância de ambiente permanente; σ^2e = variância residual; σ^2p = variância fenotípica; h^2d = herdabilidade direta; h^2m = herdabilidade materna.

Para o modelo que apenas contemplou o efeito genético direto (M3), as variâncias residuais foram consideravelmente superestimadas, enquanto que as variâncias genéticas aditivas e fenotípicas reduziram (Tabela 5). Isso aconteceu devido ao direcionamento dos efeitos genético materno e permanente para o efeito residual e pode ser facilmente observado na Figura 9. Mesmo assim, as estimativas das herdabilidades genéticas aditiva foram semelhantes em todos os modelos para as três características em estudo. Muitos autores não recomendam o 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, além da superestimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos. Essa afirmação pode ser encontrada em diversos trabalhos como, por exemplo, os de Cyrillo et al. (2004); Scarpati & Lôbo (1999).

A utilização de modelo que inclui somente o efeito genético aditivo ocasiona valores genéticos exagerados e viciados, trazendo maiores diferenças, e deve ser evitada sua utilização (JACINTO et al., 2005). Além disso, é sabido que o bezerro, mesmo depois da desmama, pode sofrer influência dos efeitos maternos e de ambiente permanente e essa afirmativa pôde ser observada em todas as características no presente estudo, para o modelo completo.

A observação dos valores de FB e DIC permitiu discriminar com clareza o ajuste dos modelos. Estudos que contemplem essas duas metodologias, via inferência Bayesiana, são bastante escassos no melhoramento de bovino de corte. Ainda com base na comparação de modelos, as correlações de Spearman podem ser utilizadas em relação à classificação dos animais pelo valor genético, obtido dentro de cada modelo. As correlações obtidas entre as classificações dos animais avaliados pelo valor genético direto, utilizando os modelos M1 e M3, via inferência bayesiana, foram altas quando considerou todos os animais contidos no pedigree para P205, P365 e P550 (0,83; 0,87 e 0,89 %, respectivamente) (Tabela 6).

Estes resultados são conflitantes com os de Fernandes & Ferreira (2000), que encontraram semelhança de 10% para a característica ganho de peso à desmama entre os mesmos modelos utilizados neste trabalho. Tal similaridade, principalmente para o P205, não era esperada, pois, para este peso, a dependência materna é maior em relação aos pesos P365 e P550. Esta afirmativa pode ser justificada pelo pequeno acréscimo no valor da correlação para os pesos subsequentes ao P205. O modelo M1, além de incluir o efeito aditivo direto e residual contemplava também o efeito materno e de ambiente permanente. O modelo M3 contemplou somente os efeitos aditivos diretos e residuais. Em contrapartida, é possível observar considerável proximidade dos valores FB e DIC entre estes dois modelos, o que não é observado entre os modelos M1 e M2, reafirmando, mais uma vez, a confiabilidade dos critérios de comparação de modelos e semelhança entre os modelos M1 e M3.

Verificou-se que quanto maior a pressão de seleção considerada, menor foi a correlação entre os modelos M1 e M3, para os pesos aos 205, 365 e 550 dias de idade. O decréscimo para o P550 não foi tão acentuado, talvez porque nessa idade os efeitos maternos agem com menor intensidade (Tabela 6). Isso é facilmente observado nas idades subsequentes ao P205: para 10% dos melhores animais (0,49) P365 e (0,62) P550; para 5% dos melhores (0,41) P365 e (0,59) P550; e para 1% dos melhores animais (0,11) P365 e (0,51) P550. Para os pesos aos 205 e 365, quando 1% dos animais foi selecionado, as correlações não foram significativas, apresentando valores de -0,10 e 0,11, respectivamente. Para o ganho de peso pós-desmama, Fernandes & Ferreira (2000) encontraram 80% de semelhança entre o modelo que incluía os efeitos maternos e outro que não os considerava.

Tabela 6. Correlações de ranking entre os valores genéticos dos animais para os modelos M1 e M3.

Classe de animais	P205		P365		P550	
	N	Correlação de <i>ranking</i> M1 – M3	N	Correlação de <i>ranking</i> M1 – M3	N	Correlação de <i>ranking</i> M1 – M3
Todos os animais do pedigree	19379	0,83	13887	0,87	12015	0,89
10% melhores animais	1939	0,39	1387	0,49	1201	0,62
5% melhores animais	970	0,29	694	0,41	601	0,59
1% melhores animais	194	-0,10 ^{n.s}	139	0,11 ^{n.s}	120	0,51

^{n.s} Não significativo; M1= modelo l e M3= modelo animal apenas com efeito genético aditivo.

A classificação dos 10 melhores animais em função dos valores genéticos, para os P205, 365 e 550, mostrou-se semelhante, principalmente quando os modelos M1 e M3, para os pesos 365 e 550, foram comparados (Tabela 7).

Com base no posicionamento dos melhores animais para o P205, a mudança mais expressiva ocorreu com o animal B, que, no M1, encontra-se na 16652^a posição e, no M3, ocupa a 2^a posição. Este distanciamento pode ser justificado mais uma vez pela influência dos efeitos maternos que, para o M3, não foram considerados. Já para o P365 e P550, é possível visualizar, em relação ao posicionamento dos dez primeiros melhores

animais, similaridade dos modelos, sendo que o único animal que aparece em todos os pesos é o animal A, ocupando a mesma posição nas idades, exceto para o modelo M1 no P550, em que se apresenta na 9ª posição.

Tabela 7. Posicionamento dos 10 melhores animais no arquivo geral em função dos modelos utilizados pela metodologia bayesiana.

ANIMAL	P205		P365		P550	
	M1	M3	M1	M3	M1	M3
A	1 ^o	1 ^o	1 ^o	1 ^o	9 ^o	1 ^o
B	16652 ^o	2 ^o	16 ^o	2 ^o	1 ^o	2 ^o
C	19364 ^o	3 ^o	19 ^o	3 ^o	3 ^o	3 ^o
D	5 ^o	4 ^o	2 ^o	4 ^o	18 ^o	4 ^o
E	393 ^o	5 ^o	28 ^o	5 ^o	37 ^o	5 ^o
F	430 ^o	6 ^o	9 ^o	6 ^o	7 ^o	6 ^o
G	725 ^o	7 ^o	33 ^o	7 ^o	109 ^o	7 ^o
H	949 ^o	8 ^o	14 ^o	8 ^o	6 ^o	8 ^o
I	887 ^o	9 ^o	3 ^o	9 ^o	15 ^o	9 ^o
J	1338 ^o	10 ^o	98 ^o	10 ^o	2 ^o	10 ^o

M1= modelo animal padrão e M3= modelo animal apenas com efeito genético aditivo.

Em melhoramento animal, o conhecimento de estimativas de parâmetros genéticos de características de importância econômica é pré-requisito para o estabelecimento de um programa de seleção. Na obtenção de referenciais genéticos que auxiliem a escolha de animais, são utilizadas informações quantitativas de progênes, para conferir precisão às estimativas.

De acordo com Marques (1994), o uso intensivo de valores estimados em gado de corte deve orientar o serviço de touros melhoradores na indústria pecuária. Cada touro contribui com metade (50%) dos genes do bezerro e o seu componente de variância (σ^2_a) estima 25% da variação genética aditiva.

A variação genética é fator preponderante para que as características de importância econômica possam ser melhoradas. O modelo utilizado para a estimação dos componentes de (co)variância incluiu os efeitos materno e de ambiente permanente (M1). As estimativas da variância genética aditiva direta, para as características P205, P365 e P550, aumentaram com a idade, assim como para as estimativas de variância genética aditiva materna (Tabela 8). O mesmo foi verificado pelo método REML (Tabela 9). Verificou-se também que a maioria das estimativas pontuais dos componentes de (co)variância, para P205, P365 e P550, obtidas pelo método REML,

apresentou valores bastante próximos aos obtidos pelas médias *a posteriori* pela inferência Bayesiana, exceto para os valores dos componentes da variância fenotípica.

Resultado semelhante foi observado por Madureira et al. (2009), trabalhando com animais da raça Simental, Nelore e Canchim. Por outro lado, Costa et al. (2009) relataram estimativas superiores para os componentes de (co)variância, quando empregaram a metodologia frequentista em relação à bayesiana em animais da raça Guzerá no Estado de São Paulo. Apesar da pequena diferença entre as médias *a posteriori* e as estimativas obtidas por REML, a maioria dos componentes de (co)variância, estimados por REML, manteve-se dentro dos intervalos de credibilidade para as médias *a posteriori*.

Tabela 8. Estimativas dos componentes de (co)variância dos pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade, em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia, pelo método bayesiano.

Características	Componentes de variância					
	σ^2a	σ_{am}	σ^2m	σ^2ep	σ^2e	σ^2p
P205						
Média	246,86	-138,10	111,07	99,48	278,15	735,58
Mediana	245,60	-137,30	110,05	99,51	278,70	734,32
Moda	242,60	-133,20	108,70	101,90	278,10	743,00
MC	0,10	0,007	0,07	0,04	0,05	0,09
D.P	28,70	20,08	21,93	11,94	15,64	26,50
CV%	11,62	-14,54	19,75	12,00	5,62	3,60
IC 95%	192,9 a 308,4	-179,2 a - 100,7	70,22 a 154,8	76,76 a 123,0	244,40 a 307,4	683,75 a 786,91
P365						
Média	511,88	-284,32	167,89	143,48	340,18	1163,45
Mediana	507,65	-282,25	166,50	144,10	342,00	1160,50
Moda	532,70	-278,50	162,30	142,40	343,80	1096,50
MC	0,26	0,16	0,1	0,04	0,14	0,23
D.P	76,21	47,69	36,90	13,82	40,11	65,12
CV%	14,88	-16,77	21,97	9,63	11,79	5,59
IC 95%	366,10 a 662,8	-379,9 a - 195,1	99,26 a 243,0	115,40 a 169,2	260,60 a 416,6	1038,7 a 1292,1
P550						
Média	531,95	----	----	----	1126,01	1657,97
Mediana	530,50	----	----	----	1126,00	1657,70
Moda	535,90	----	----	----	1122,00	1655,70
MC	0,14	----	----	----	0,11	0,08
D.P	43,68	----	----	----	34,83	25,85
CV%	8,21	----	----	----	3,09	1,55
IC 95%	449,1 a 619,4	----	----	----	1054,0 a 1190,0	1606,9 a 1708,0

σ^2a = variância genética aditiva direta; σ^2m = variância genética aditiva materna; σ_{am} = covariância genética entre os efeitos aditivos direto e materno σ^2ep = variância de ambiente permanente; σ^2e = variância residual; σ^2p = variância fenotípica; MC = erro de Monte Carlo; D.P = desvio padrão; CV% = coeficiente de variação e IC 95% = intervalo de credibilidade.

Para a estimativa da variância genética aditiva direta, Souza Júnior et al. (2011) encontraram valores de P365 (401,74) e P550 (542,65), utilizando inferência bayesiana com um banco de dados de, aproximadamente, 8.193 animais; e Ribeiro et al. (2009) obtiveram valores de P205 (63,86); P365 (90,47) e P550 (146,05) pelo método frequentista com informações de 31.111 animais, ambos trabalhos com animais da raça Tabapuã.

Vale ressaltar que a quantidade de informação contida no banco de dados e a origem dela podem influenciar na estimativa dos componentes de (co)variância. Isso pôde ser confirmado através do trabalho realizado por Wright et al. (2000), no qual a estimativa pontual para variância genética aditiva obtida pelo método REML foi consideravelmente menor que a média *a posteriori*, obtida por amostragem de Gibbs. Para eles, em situações com tamanhos amostrais relativamente menores, as distribuições *a posteriori* para os componentes de variância são geralmente mais assimétricas e, com isso, as respectivas médias são diferentes das modas, as quais são mais próximas das estimativas de máxima verossimilhança. No presente estudo, as 90.000 amostras para cada característica foram suficientes para que as distribuições assumissem comportamento de uma distribuição normal. Os erros de Monte Carlo apresentados na Tabela 8 foram baixos para todas as características em estudo. Tais resultados são congruentes com o número de amostras obtidas, pois quanto maior o número de amostras obtidas, menor é a variância entre elas, considerando-se o período de descarte das amostras iniciais.

De acordo com Blasco (2001), tanto os métodos frequentistas quanto os probabilísticos possuem fundamentações teóricas consistentes e a escolha de um deles depende da capacidade e da facilidade de resolução de cada caso ou mesmo da preferência do pesquisado. Por sua vez, Van Tessell et al. (1995) afirmam que a utilização da inferência bayesiana é mais vantajosa que a REML, quando o arquivo de dados é muito grande e os modelos são bastante complexos, por permitir obter estimativas mais acuradas e intervalo de credibilidade para a distribuição *a posteriori* dos componentes de (co)variância.

Os valores estimados para a variância genética aditiva direta relatados indicam que o rebanho apresenta alta variabilidade genética, que pode ser explorada por seleção

e, conseqüentemente, resultar em melhoria no desempenho médio da população, promovendo progresso genético nas características de crescimento ao longo dos anos.

Quanto à variância materna, foi observada grande variação para os pesos aos 205 e 365 dias de idade (Tabela 8), o que corresponde a 15,0% e 14,4% da variação fenotípica total, para a metodologia bayesiana, e 17,1% e 17,8% (Tabela 9), para a metodologia REML, respectivamente. Esses valores são bastante representativos, uma vez que o efeito materno, juntamente com o efeito de ambiente permanente, pode provocar variação no crescimento dos animais, mesmo após o desmame. O efeito de ambiente permanente representou 13,5% e 19,5% (bayesiana) da variação fenotípica total e 17,2% e 16,7% (REML), indicando influência desse efeito nos pesos aos 205 e 365 dias de idades, respectivamente.

Tabela 9. Estimativas dos parâmetros genéticos dos pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade, em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia, pelo método frequentista.

Pesos	Componentes de (co) variância e parâmetros genéticos								
	σ^2a	σ_{am}	σ^2m	σ^2ep	σ^2e	σ^2p	h^2d	h^2m	rGam
P205	241,84	-132,24	102,40	103,05	280,44	595,68	0,41± 0,04	0,17± 0,03	-0,84± 0,04
P365	490,87	-270,49	156,29	146,16	350,28	873,12	0,56± 0,06	0,18± 0,03	-0,98± 0,03
P550	532,48	---	---	---	1124,88	1657,37	0,32± 0,02	---	---

σ^2a = variância genética aditiva direta; σ_{am} = covariância entre os efeitos genéticos direto e materno; σ^2m = variância genética aditiva materna; σ^2ep = variância de ambiente permanente; σ^2e = variância residual; σ^2p = variância fenotípica; h^2d = herdabilidade direta; h^2m = herdabilidade materna; correlação entre os efeitos genéticos direto e materno.

Valores inferiores para a variância genética aditiva materna e de efeito permanente foi relatado por Jacinto et al. (2005): 44,77 e 28,00 (P205), pelo método frequentista. Pelo método bayesiano, Souza Júnior et al. (2011) encontraram valores de 27,63 e 0,01 (P365). Valores maiores foram encontrados por Pimenta Filho et al. (2001): 139,33 (P205); 452,01 (P365) e 837,62 (P550), em animais da raça Guzerá. Vale ressaltar que estes autores não consideraram o efeito permanente materno no modelo estatístico, o que pode ter superestimado as variâncias maternas.

Para ambas as metodologias, a estimativa da herdabilidade do efeito genético aditivo direto, em todos os pesos, foi de média a alta magnitude (Tabela 9 e Tabela 10). Pode-se observar que, para os pesos aos 205 e 365 dias de idade, a metodologia REML

superestimou o valor das herdabilidades aditiva direta, provavelmente devido ao valor das estimativas das variâncias fenotípicas, que foram menores do que as encontradas pela metodologia bayesiana. Mesmo assim, os valores para ambas as metodologias foram superiores aos estimados por alguns autores, que utilizaram dados da raça Tabapuã (FERRAZ FILHO et al., 2000; FERRAZ FILHO et al., 2002; GUIMARÃES et al., 2003; JACINTO et al., 2005; RIBEIRO et al., 2007; PEREIRA et al., 2005; RIBEIRO et al., 2005; SOUZA JÚNIOR et al., 2011; SIGNORETTI et al., 2007), este último pelo método bayesiano em animais da raça Simentá.

Em estudo de comparação de metodologias, Costa et al. (2009), estudando animais da raça Guzerá aos 12, 18 e 24 meses de idade, encontraram herdabilidades diretas de 0,09; 0,08 e 0,12, respectivamente, para a metodologia REML, e valores de 0,07; 0,08 e 0,11, para a metodologia bayesiana. Estes valores estão muito baixos em comparação com os valores das estimativas do presente trabalho. O mesmo aconteceu em trabalhos realizados por Madureira et al., 2009; Oliveira et al., 2000; e Pedrosa et al., 2008.

Os valores dos coeficientes de herdabilidade estimados indicam que a variância genética aditiva é responsável por considerável parcela da variância fenotípica e que o progresso genético esperado, com base na seleção dos animais com maiores pesos nessas idades, seria vantajoso para o criador. Pode-se verificar vantagem comercial em razão da seleção nessas idades, propiciando maior ganho econômico com a redução do intervalo de gerações.

Para os pesos P205 e P365, observou-se valores de baixa magnitude para a herdabilidade materna, em ambas as metodologias, porém, com maiores valores pelo REML ($0,17 \pm 0,03$) e ($0,18 \pm 0,03$) em relação ao método bayesiano ($0,15 \pm 0,025$) e ($0,14 \pm 0,02$). Os maiores valores de herdabilidade materna encontrados pelo método REML podem ser atribuídos aos baixos valores das estimativas da variância fenotípica total.

Estudando animais da raça Guzerá no estado da Paraíba, Ferraz Filho et al. (2001) encontraram valores para herdabilidade materna superiores ao deste estudo: 0,39 (P205); 0,28 (P365) e 0,30 (P550), justificando, assim, que as características de crescimento são fortemente dependentes do efeito materno pela grande habilidade

materna. Os mesmos autores ressaltam a importância da inclusão deste efeito no modelo, o qual permitirá maior acurácia na estimativa dos parâmetros genéticos.

Os resultados obtidos podem ser considerados expressivos, indicando alta influência dos efeitos maternos, ao compará-los com alguns trabalhos que apresentaram para esse parâmetro, altos valores, porém, em sua grande maioria, não consideraram qualquer efeito materno. Ribeiro et al. (2008) encontram herdabilidade materna de 0,07 em animais da raça Nelore, aos 205 dias de idade, tanto para a metodologias REML quanto para a bayesiana. Santos et al. (2012) encontraram para o peso aos 205 dias de idade valor de 0,01 em bovinos da raça Guzerá, no Nordeste do Brasil, e Caires et al. (2012), trabalhando com animais da raça Tabapuã, no Nordeste do Brasil, encontraram herdabilidades maternas de 0,13; 0,05 e 0,02 para os pesos aos 205; 365 e 550 dias de idade, respectivamente.

Dias et al. (2005) afirmam que a não-inclusão dos efeitos maternos no modelo de análise pode fazer com que as variâncias de ambiente permanente materno e genético materno sejam superestimadas na variância de efeito genético aditivo direto e ressaltam a importância da inclusão dos efeitos maternos nas análises para características de crescimento.

Sabe-se que a habilidade materna está relacionada com a produção de leite e com o cuidado da mãe com a cria. Para as crias, os efeitos maternos são considerados como efeitos ambientais que influem na prole e são determinados por fatores genéticos e ambientais. Ao selecionar para habilidade materna, deseja-se crias que apresentem pesos mais elevados, diminuindo o tempo de permanência na propriedade (OLIVEIRA, 2006).

As covariâncias genético-materna estimadas foram de -138,10 (P205) e -284,32 (P365) e -132,24 (P205) e -270,49 (P365) pelos métodos bayesiano e frequentista, respectivamente. Ribeiro et al. (2009), correlacionando os valores genéticos diretos em modelos com a inclusão ou não da covariância genética aditiva direto-materna, encontraram valores de 0,90 para as características PN, P205, P365 e P550, concluindo pela não necessidade deste componente em análises de avaliações genéticas em animais da raça Tabapuã. Estes autores ainda obtiveram redução nos valores dos componentes de variância, quando não incluíram a covariância genético-materna para os pesos P205 e P365.

Há ainda muitas controvérsias a respeito do efeito da covariância genético-materna. Waldron et al. (1993) justificaram ambientes limitantes causadores da origem da covariância genético-materna negativa, relacionando isso à competição metabólica em que os nutrientes são dirigidos para uma ou outra produção, como, por exemplo, a produção de carne ou leite. Por outro lado, Bolignon et al. (2012) concluíram que problemas na estruturação de dados e, conseqüentemente, insuficiência do pedigree, gera estimativas tendenciosas para os componentes de (co)variância, ocasionando principalmente valores negativos para a covariância entre os efeitos genéticos e maternos e para o parâmetro genético, que correlaciona estes dois efeitos.

Muitos estudos que abordam a inclusão ou não deste efeito são encontrados na literatura. Trabalhos realizados por Malhado et al. (2003) e Muniz et al. (2005) afirmam que os resultados da estimativa dos parâmetros genéticos não alteram com a inclusão desse efeito e que a diferença entre os modelos não foi significativa. Guterres et al. (2007) também encontraram correlações de classificação dos animais pelo valor genético de 0,98, utilizando modelos com ou sem o efeito da covariância genético-materna.

Ferreira et al. (2011), em um estudo de simulação estocástica para peso à desmama em bovinos de corte, concluíram que a inclusão da covariância genética direta-materna possibilitou maior confiabilidade e precisão das estimativas de (co)variâncias e, conseqüentemente, dos parâmetros.

As covariâncias genético-maternas nos modelos para P205 e P365 mostraram-se altas e negativas. Provavelmente, estes resultados estão ligados à insuficiência dos dados na formação do pedigree. Bolignon et al. (2012), comparando diferentes conjuntos de dados, concluíram que, quando o número de filhos por vaca é pequeno, a informação do pedigree é pouca conhecida e, por isso, valores negativos tanto da covariância quanto da correlação genético-materna podem ser encontrados na literatura.

As correlações genéticas entre os efeitos aditivos diretos e maternos (r_{Gam}) para P205 e P365 foram iguais a $-0,83 \pm 0,04$ e $-0,97 \pm 0,02$ (Tabela 10), pelo método bayesiano, e $-0,84 \pm 0,04$ e $-0,98 \pm 0,03$ (Tabela 9), pelo método REML. Esses resultados foram superiores aos encontrados por Ferraz Filho et al. (2002) e Souza et al. (2011), estudando a raça Nelore, indicando alta associação negativa entre os efeitos diretos e materno.

Tabela 10. Estimativas dos parâmetros genéticos dos pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade, em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia, pelo método bayesiano.

Parâmetros Genéticos			
Características			
P205	h²d	h²m	rGam
Média	0,33	0,15	-0,83
Mediana	0,33	0,15	-0,84
Moda	0,3	0,16	-0,84
MC	0,001	0,00009	0,0001
D.P	0,03	0,025	0,04
CV%	8,89	17,21	-5,28
IC 95%	0,27 a 0,39	0,10 a 0,20	-0,91 a -0,75
P365			
Média	0,43	0,14	-0,97
Mediana	0,43	0,14	-0,98
Moda	0,39	0,11	----
MC	0,0001	0,00008	0,00008
D.P	0,04	0,02	0,02
CV%	9,97	17,63	-2,48
IC 95%	0,35 a 0,52	0,09 a 0,18	-0,99 a -0,93
P550			
Média	0,32	----	----
Mediana	0,32	----	----
Moda	0,33	----	----
MC	0,0001	----	----
D.P	0,02	----	----
CV%	7,37	----	----
IC 95%	0,27 a 0,36	----	----

h²d = herdabilidade direta; h²m = herdabilidade materna; rGam= correlação genética entre os efeitos aditivos direto e materno; MC= erro de Monte Carlo; D.P= desvio padrão; CV%= coeficiente de variação e IC 95%= intervalo de credibilidade.

Correlações negativas podem comprometer uma resposta positiva à seleção em decorrência do efeito materno que, ao longo prazo, pode prejudicar o desmame de bezerros com peso adequado, devido a pouca habilidade materna. Em outras palavras,

isso indica que vacas com maior habilidade materna desamariam bezerros com menor velocidade de crescimento e necessitariam de maior número de dias para atingir o peso ideal. Valores positivos são também encontrados na literatura como os de Caires et al. (2012), para os pesos P365 (0,20) e P550 (0,06).

Diversas são as explicações que giram em torno deste evento e vários autores tentam justificar os motivos que causam as associações negativas. Maniatis & Pollot (2003), estudando estruturas de dados sobre a estimação dos componentes de (co)variância das características de crescimento em carneiros, observaram que a magnitude da correlação genética aditiva direto-materna declinava à medida que se aumentava o número de mães com registros próprios de produção e com maior número de progênes.

Oliveira (2006) afirma que, para que haja medição precisa da r_{Gam} , é necessário um conjunto de dados contendo informações de desempenho no período pré-desmama das mães, maior número de informações de filhos por vaca e a maior quantidade de informações a respeito do parentesco das fêmeas em reprodução. Pode-se sugerir, dessa maneira, que a evidência de valores negativos para r_{Gam} não está associada apenas a fatores de ordem genética.

Malhado et al. (2005) afirmam que a tendência genética é uma medida que permite avaliar a mudança ocasionada por um processo de seleção para determinadas características ao longo dos anos, sendo a melhor maneira de se observar o progresso genético. A estimação das tendências genéticas permite assegurar a eficiência da seleção direcionada para as características de maior importância econômica. No presente trabalho, as tendências genéticas, maternas e fenotípicas, com a utilização da metodologia de REML e inferência bayesiana com base no modelo que incluiu os efeitos maternos e de ambiente permanente, para os pesos aos 205 e 365 dias de idade, estão apresentados e discutidos nos gráficos de tendência usando inferência bayesiana.

Para a característica P205, a tendência genética (regressão linear) de efeito direto foi significativa ($p < 0,0001$) e igual a 0,4415 kg/ano, que equivale a 15,45 kg, durante os 35 anos avaliados (Figura 8). Em termos de mudança genética anual, representa incremento de 0,25% na média do peso. Essa tendência foi superior à encontrada por Ferraz Filho et al. (2002), que verificaram ganho genético direto de 0,1341 kg/ano, em bovinos da raça Tabapuã, pelo método frequentista; e inferior à encontrada por Souza

(2011), de 0,613 kg/ano, em bovinos da raça Nelore; e por Lima et al. (2005), de 0,53 kg/ano, em bovinos da raça Nelore Mocha.

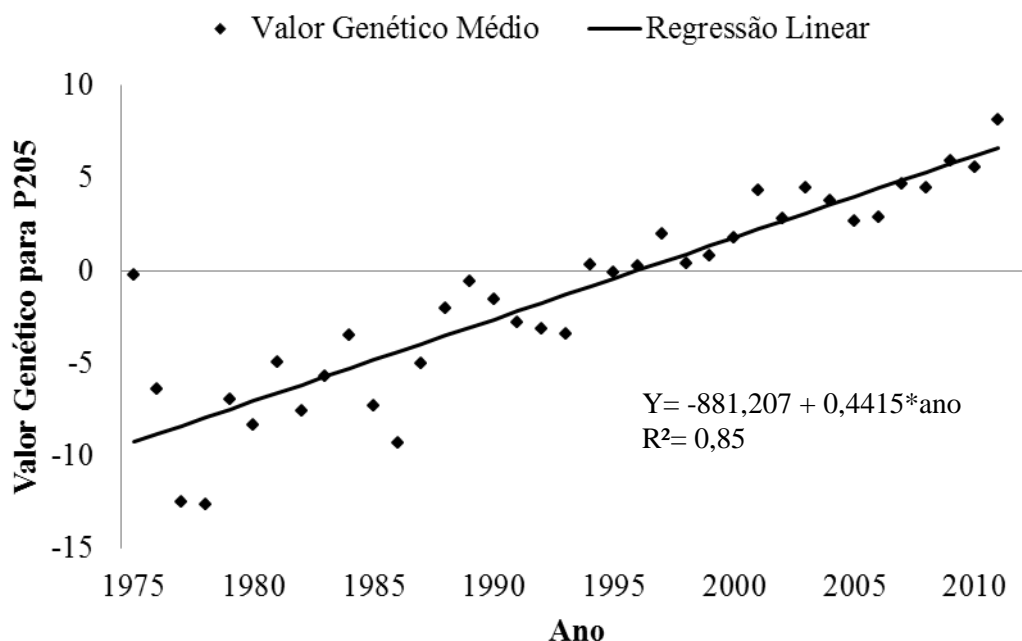


Figura 8. Tendência genética para a característica P205 em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia, período de 1975 a 2010, por meio da inferência bayesiana.

É possível observar os ganhos genéticos diretos significativos obtidos neste trabalho para essa característica. Observou-se, além disso, valor relativamente elevado para o coeficiente de determinação (R^2), diferentemente do peso aos 365 dias de idade (Figura 9). Caires et al. (2012), trabalhando com animais da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil, encontraram tendências genéticas de 0,05; 0,12 e 0,20 kg/ano, para os pesos aos 205, 365 e 550 dias de idades, respectivamente, e valores modestos para o coeficiente de determinação (32,48; 57,51 e 53,95%). Em contrapartida, para o P550, a tendência genética foi significativa, ao contrário do encontrado no presente trabalho (Figura 10).

Tendências genéticas diretas negativas foram observadas em alguns trabalhos em raças zebuínas por Holanda et al. (2004), que estimaram uma tendência direta negativa de -0,015 kg/ano na raça Nelore. Malhado et al. (2005), estudando bovinos da raça Nelore Mocho no estado da Bahia, relataram tendência genética direta negativa para

P205, com valor estimado de -0,07 kg/ano. Santos et al. (2007) encontraram valor de estimado de -0,032 kg/ano em bovinos da raça Indubrasil no estado da Bahia.

Na característica P365, a tendência genética direta (regressão linear) foi significativa ($p < 0,0001$) e igual a 0,3613 kg/ano, que equivale a um ganho de 12,64 kg, durante o período estudado. Em termos de mudança genética anual, este resultado representa um aumento de 0,15% por ano (Figura 9).

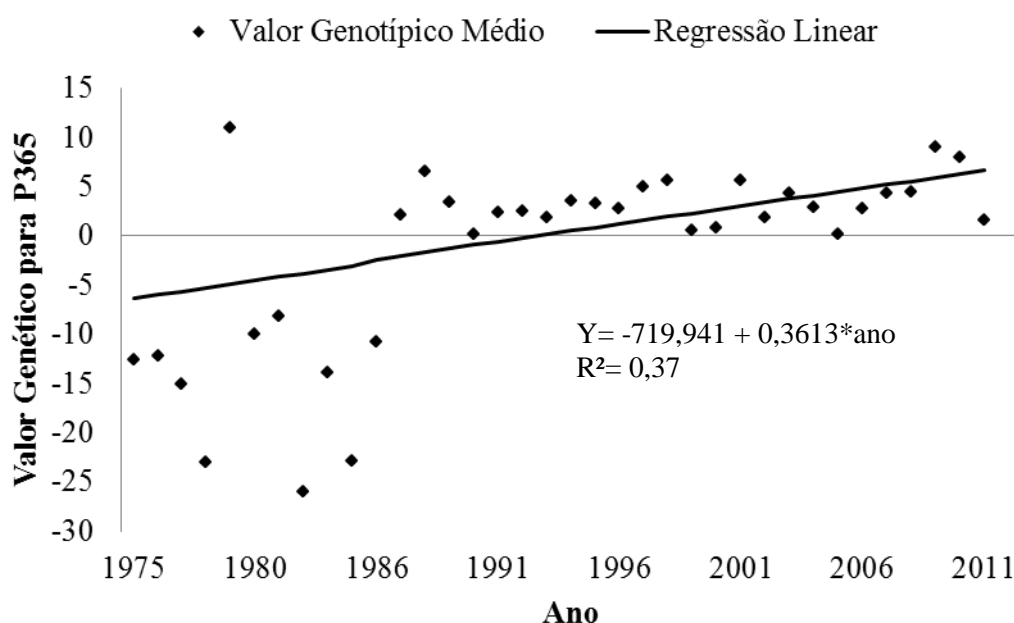


Figura 9. Tendência genética para a característica P365 em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia, período de 1975 a 2010, por meio da inferência bayesiana.

Pode-se observar que, somente a partir da década de 90, os ganhos genéticos oscilaram menos para a característica em questão e, com isso, permaneceram mais ajustados em relação à equação de regressão. Por esse motivo, foi encontrado valor muito baixo para o R^2 . Mesmo assim, o ganho foi superior aos encontrados por Ferraz Filho et al. (2002) e Ronrato et al. (2012).

Em contrapartida, Ferraz Filho et al. (2002), avaliando bovinos da raça Nelore, encontraram tendências genéticas direta superiores de 0,802 kg/ano e 2,206 kg/ano, respectivamente. Resultados positivos são comumente encontrados na literatura com outras raças zebuínas no Brasil (SANTOS & LOPES et al. (2012); SANTOS & LIRA et al. (2012).

A tendência genética direta (regressão linear) para P550 não foi significativa ($p > 0,1253$), com valor de 0,2243 kg/ano (Figura 10).

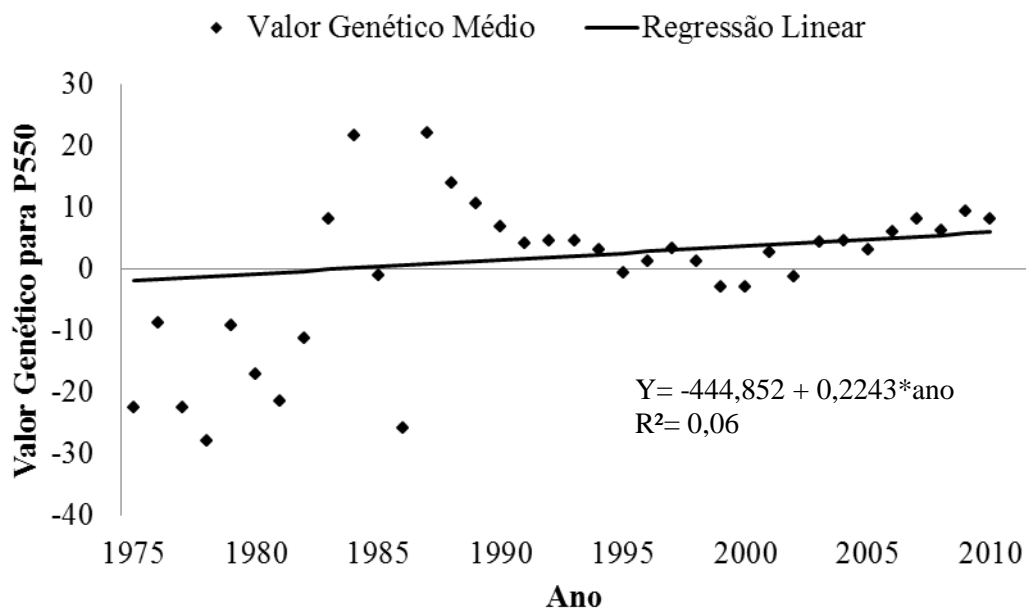


Figura 10. Tendência genética para a característica P550 em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia, período de 1975 a 2010, por meio da inferência bayesiana.

Na literatura estão presentes trabalhos com zebuínos que apresentaram resultados significativos e positivos para o ganho genético anual para P550 (GONÇALVES et al., 2011; LAUREANO & BOLIGNON et al., 2011; SANTOS et al., 2012; SANTOS & LIRA, 2012).

As estimativas de parâmetros genéticos e as tendências genéticas obtidas neste estudo estão acima da maioria dos valores descritos na literatura. Cabe ressaltar que os resultados obtidos referentes ao rebanho estudado são muito influenciados pela composição genética e pelas condições ambientais a que os animais foram submetidos, merecendo, portanto, cautela à aplicação prática desses resultados. Por outro lado, pode-se sugerir que, durante o período estudado, genótipos superiores têm sido introduzidos no rebanho, o que tem levado a ganhos genéticos, mesmo que moderados.

A tendência genética materna (regressão linear) foi significativa ($p < 0,001$) para as características P205 e P365, com perdas de -0,2583 kg/ano e -0,2141 kg/ano (Figuras 11) e (Figuras 12). Este resultado era esperado, uma vez que a ênfase na seleção tem

sido dada para as características de produção e a correlação entre os efeitos aditivos diretos e maternos apresentaram-se negativas, indicando antagonismo entre os genes que atuam para produção e aqueles que atuam para reprodução.

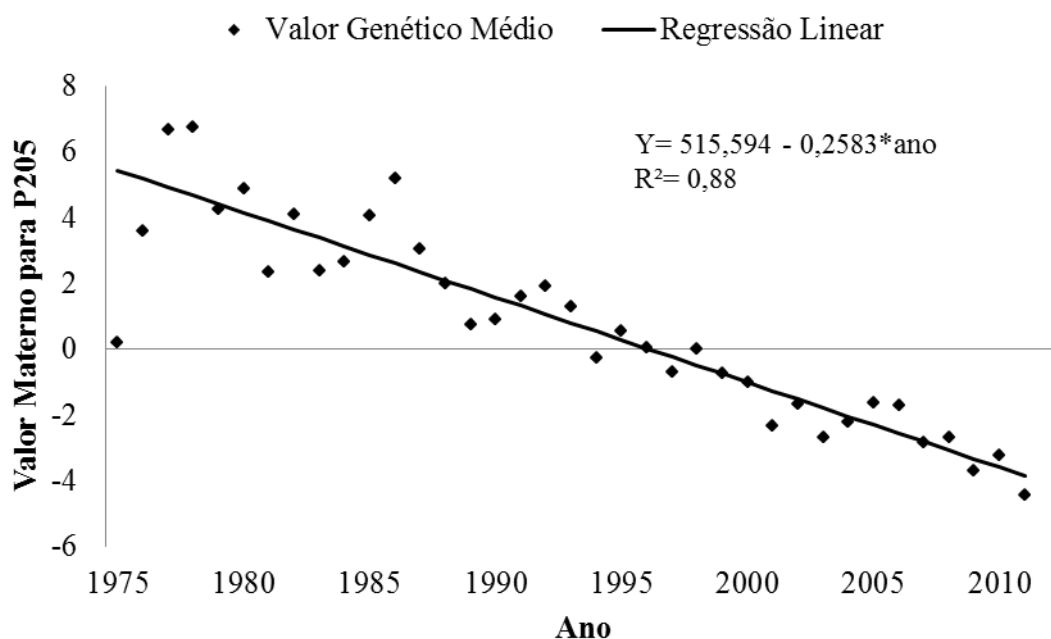


Figura 11. Tendência materna para a característica P205 em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia, período de 1975 a 2010, por meio da inferência bayesiana.

Valores negativos foram também observados nos estudos de Garcia et al. (2003) e Pereira et al. (2005), com estimativa de $-0,0611$ kg/ano e $-0,02$ kg/ano, para raça Nelore Mocha, respectivamente. Por outro lado, são encontrados também na literatura resultados positivos para a tendência materna (HOLANDA et al., 2004; LAUREANO et al., 2004; LIMA et al., 2005) para P205.

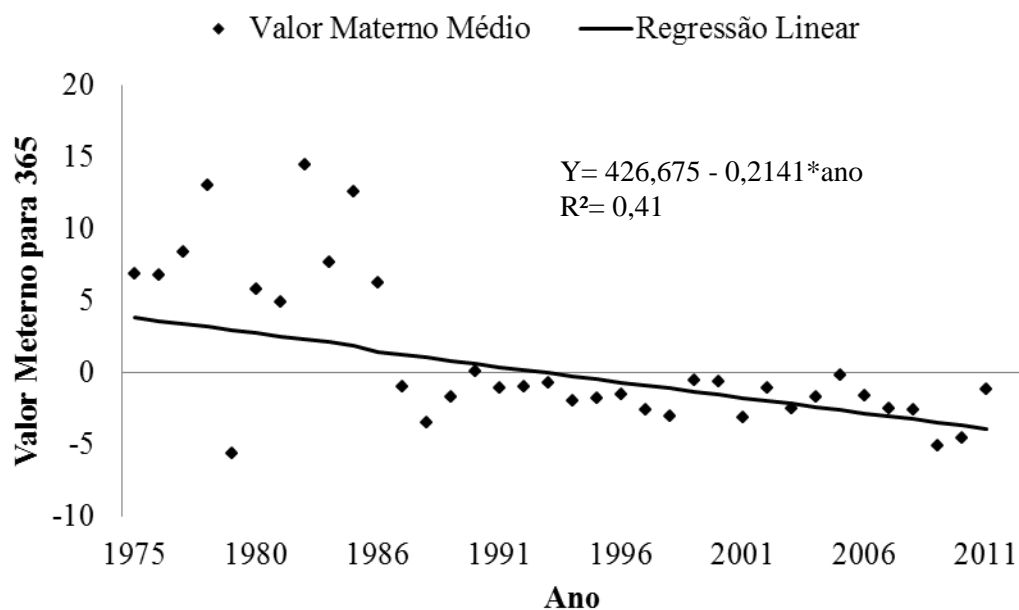


Figura 12. Tendência materna para a característica P365 em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia, período de 1975 a 2010, por meio da inferência bayesiana.

Observou-se que o efeito materno foi negativo e decrescente, acumulando perda genética materna nos 35 anos estudados, de 9,0 kg/ano e 7,4 kg/ano para as características P205 e P365, respectivamente. Os baixos valores obtidos para tendência genética materna pressupõem ausência de seleção para estas características, indicando que se tem usado reprodutores com elevado valor genético aditivo direto, mas com baixa capacidade de transmitir habilidade materna. Isso tem que ser trabalhado com cautela para não comprometer os ganhos em gerações futuras.

Para Smith (1984), o ganho genético anual gira em torno de 1 a 3%. Para que o programa de seleção seja considerado eficaz, esse valor deve estar próximo de 3%. Desse modo, observa-se que as mudanças genéticas anuais situam-se abaixo do limite inferior, sugerindo a necessidade de se utilizar genótipos superiores nos rebanhos.

O baixo progresso anual observado no presente estudo pode ser atribuído à estrutura genética populacional dos animais da raça Tabapuã do Nordeste do Brasil. Em geral, tem-se observado alto intervalo de geração, redução do tamanho efetivo do rebanho, baixa variabilidade genética das populações (CAIRES et al., 2012; VERCESI FILHO et al., 2002).

Considerando-se uma intensidade de seleção de 1,24 (retenção de 5% dos machos e 75% das fêmeas), as herdabilidades (Tabela 10), desvios-padrão fenotípicos iguais 29,51; 38,88; 58,25 (Tabela 3) e intervalo médio de gerações de oito anos, seria possível alcançar progresso genético anual ($\Delta G = (i * h^2 * \sigma_p) / L$), da ordem de 1,50 kg/ano; 2,59 kg/ano e 2,88 kg/ano, para P205, P365 e P550, respectivamente, correspondendo a 0,85%; 1,12% e 0,96% das médias do rebanho.

A tendência fenotípica para P205 foi significativa ($p < 0,0001$), igual a 0,7039 kg/ano (Figura 13), o que representa 24,63 kg/ano durante o período analisado (35 anos). Em termos de mudança fenotípica anual, este valor representa ganho de 0,40%.

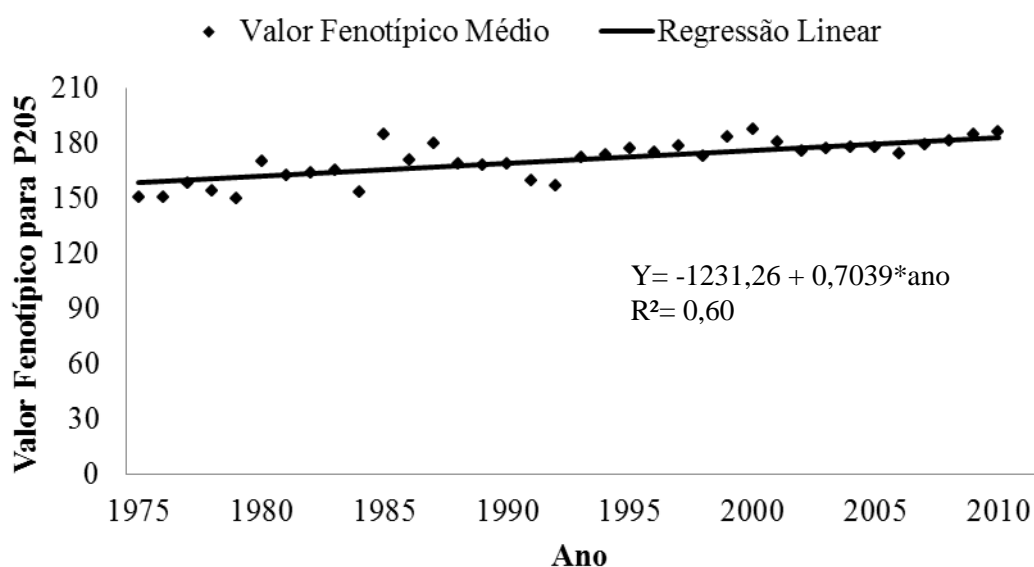


Figura 13. Tendência fenotípica para a característica P205 em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia, período de 1975 a 2010, por meio da inferência bayesiana.

Bolignon et al. (2006) encontraram ganho de 0,47 kg/ano, 0,2581 kg/ano e 0,1883 kg/ano para P205, P365 e P550, respectivamente, durante o período de 1981 a 1992, para raça Nelore Mocha. No presente estudo, as tendências fenotípicas para os pesos aos 365 e 550 dias de idade não foram significativas (Figuras 14 e Figuras 15).

Malhado et al. (2008), estudando animais da raça Nelore do Estado da Bahia, no período de 1955 a 2007, verificaram valores para a tendência fenotípica das características P205, P365 e P550 iguais a 1,40; 1,65 e 2,11 kg/ano, respectivamente.

Para a característica P205, o ganho fenotípico pode ser considerado baixo, quando comparado com outros trabalhos. Nesta fase, o desempenho da progênie deve-se à expressão dos genes do próprio indivíduo (efeito genético direto) e a expressão dos genes da mãe do indivíduo para habilidade materna (efeito genético materno). Este resultado indica que melhorias nas condições ambientais de produção ainda são incipientes.

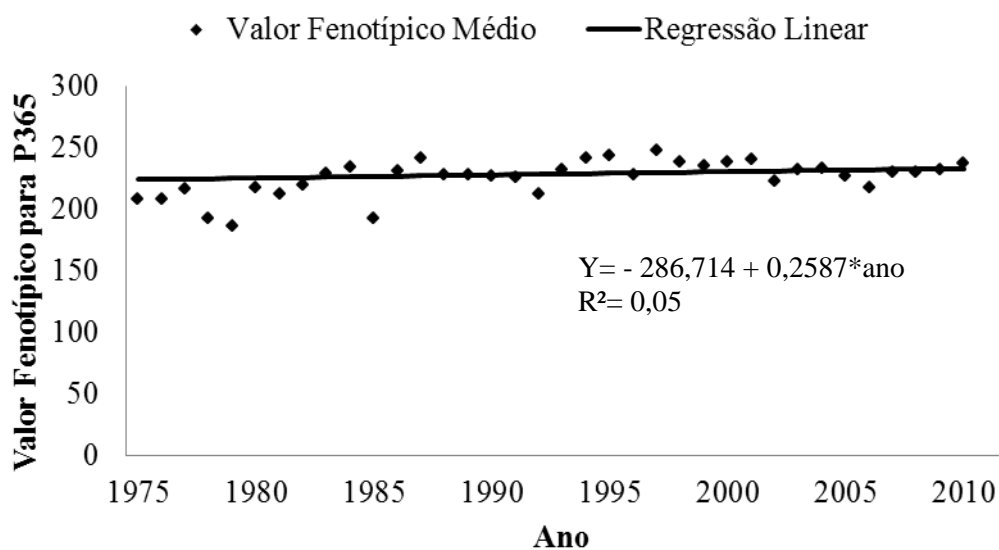


Figura 14. Tendência fenotípica para a característica P365 em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia, período de 1975 a 2010, por meio da inferência bayesiana.

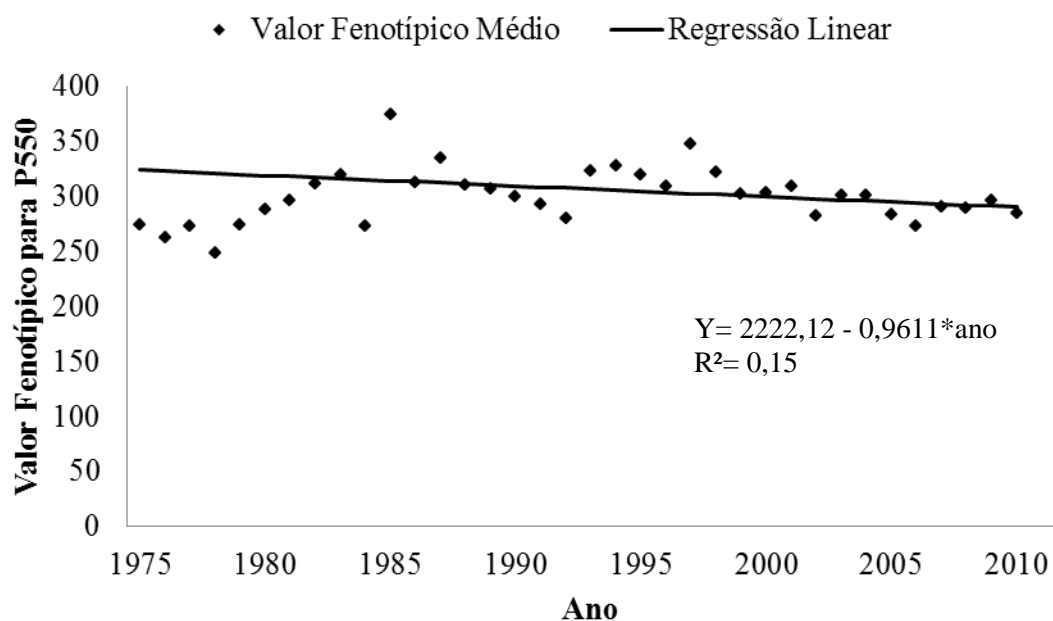


Figura 15. Tendência fenotípica para a característica P550 em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia, período de 1975 a 2010, por meio da inferência bayesiana.

Os resultados para tendência fenotípica com poucos ganhos e baixos valores de R^2 evidenciam baixo progresso durante o período estudado no presente trabalho. Esse fato é decorrente das poucas melhorias das condições de criação no rebanho. Para o conjunto de dados, pode-se observar que, anualmente, há necessidade de se empregar a combinação de fatores genéticos e de ambiente.

A obtenção de valores genéticos depende de métodos estatísticos sofisticados, capazes de indicar quais animais devem ser selecionados, a partir da estrutura de dados disponíveis (CARNEIRO JÚNIOR et al., 2010).

Trabalhos referentes à inferência bayesiana em bovinos são escassos, sendo que a maioria aborda somente diferenças entre os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos, não considerando os valores genéticos para a estimação dos ganhos genéticos através das tendências. No presente estudo, é possível observar que, ambas as metodologias de estimação dos componentes de (co)variância foram semelhantes. Os valores obtidos pelo método REML foram, em sua maioria, menores, porém, próximos aos valores encontrados pelo método bayesiano, exceto para os

parâmetros genéticos, em que, para a herdabilidade direta e materna, os valores foram superestimados.

Com base na Tabela 11, pode-se analisar as tendências genéticas, maternas e fenotípicas para todos os pesos com suas respectivas equações, coeficientes de determinação e significâncias. As equações de dispersão mostraram-se muito semelhantes, com um pequeno ganho pelo método REML para as tendências genéticas e maternas em relação à inferência bayesiana.

Tabela 11. Equações de regressão para os efeitos genético, materno e fenotípico para os pesos aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade, utilizando duas metodologias para estimação dos valores genéticos: GIBBS3F90 e MTDFREML, em bovinos da raça Tabapuã no estado da Bahia.

Genético						
Pesos	GIBBS3F90	R²	p-valor	MTDFREML	R²	p-valor
P205	Y= -888,207+0,4415*ano	0,85	0,0001**	Y= -944,689+0,4733*ano	0,83	0,0001**
P365	Y= -719,941+0,3613*ano	0,37	0,0001**	Y= -771,738+0,3873*ano	0,34	0,0002**
P550	Y= -444,852+0,2243*ano	0,06	0,1253 ^{ns}	Y= -445,658+0,1697*ano	0,04	0,2034 ^{ns}
Materno						
P205	Y= 515,594-0,2583*ano	0,88	0,0001**	Y= 539,457-0,2703*ano	0,87	0,0001**
P365	Y= 426,675-0,2141*ano	0,41	0,0001**	Y= 450,732-0,2261*ano	0,37	0,0001**
P550	-----	----	----	-----	----	----
Fenotípico						
P205	Y= -1231,26+0,7039*ano	0,60	0,0001**	Y= -1231,26+0,7039*ano	0,60	0,0001**
P365	Y= -286,714+0,2587*ano	0,055	0,1638 ^{ns}	Y= -286,714+0,2587*ano	0,05	0,1638 ^{ns}
P550	Y= 2222,12-0,9611*ano	0,15	0,0163 ^{ns}	Y= 2222,12-0,9611*ano	0,15	0,0163 ^{ns}

R²= coeficiente de determinação; **Significativo a 1%; ^{ns} Não significativo.

Madureira et al. (2009), avaliando bovinos de corte e comparando os valores genéticos pela metodologia bayesiana *versus* frequentista, encontraram valores preditos muito similares. Essa similaridade pode ser também constatada no presente trabalho através das correlações de Pearson para todos os animais entre as metodologias (Tabela 12). Para todas as características, as correlações foram significativas, obtendo valores acima de 0,90. Estes resultados corroboram os encontrados por Oliveira et al. (2002) em animais da raça Nelore, que encontraram estimativas de correlação superiores a 94%.

Dessa maneira, os resultados demonstram que o método bayesiano proporciona estimativas semelhantes às disponibilizadas pela metodologia de máxima verossimilhança restrita, considerando os componentes de (co)variância e a predição dos valores genéticos. É sabido que o teorema de Bayes propicia soluções precisas para amostras de tamanho finito, pois, para cada conjunto de dados, pequeno ou grande,

existe uma distribuição *a posteriori* exata para a realização de inferências. De acordo com Resende (2000), a diferença de precisão entre as duas abordagens frequentista e bayesiana reduz-se para conjuntos de dados extremamente grandes e, neste caso, a tendência é obterem-se resultados coincidentes. No estudo, pode-se o banco de dados utilizado, proveniente do Estado da Bahia, apresentar consistência, mesmo sendo pequeno.

Tabela 12. Estimativas das correlações de Pearson dos valores genéticos entre os métodos REML e Bayesiano em características de crescimento de animais da raça Tabapuã do estado da Bahia.

	Características		
	P205	P365	P550
Métodos	REML x Bayesiano	REML x Bayesiano	REML x Bayesiano
Correlação	0,99	0,99	0,91
p-valor	0,0001**	0,0001**	0,0001**

**Significativo a 1%.

IV - CONCLUSÕES

As estimativas dos parâmetros genéticos para os pesos ajustados aos 205, 365 e 550 dias de idade apresentaram pouca semelhança. Em contrapartida, as estimativas pontuais, encontradas pelo método frequentista, mantiveram-se dentro dos intervalos de credibilidade, encontrados pelo método bayesiano;

Os resultados obtidos para as tendências genéticas diretas, para as características P205, P365, indicam pequeno progresso genético no período entre 1975 a 2010;

As correlações dos valores genéticos, para todas as características, entre os métodos frequentista e bayesiano, foram significativas, obtendo valores acima de 90% de similaridade;

O modelo que incluiu os efeitos materno e de ambiente permanente (M1) proporcionou melhor ajuste para representação dos dados em todas as características;

A classificação dos animais variou em função dos valores genéticos, principalmente para os pesos aos 205 e 365 dias de idade, com valores decrescentes para as correlações de ranking dos modelos M1 e M3.

V- REFERÊNCIAS

- ALBUQUERQUE, L. G.; BERGMANN, J. A. G.; OLIVEIRA, H. N.; TONHATI, H.; LÔBO, R. B. **Princípios de Avaliação Genética**. 2011. Disponível em: <<http://www2.ufersa.edu.br/portal/view/uploads/setores/183/arquivos/PRINCIPIOS%20DE%20AVALIACAO%20GENETICA.pdf>>. Acesso em 21 de setembro 2012.
- BALDI, F.; ALENCAR, M. M.; ALBUQUERQUE, L. G.; BARBOSA, P. F. **Avaliação de diferentes modelos para estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Canchim**. Jaboticabal. Anais... Jaboticabal, SP: 44ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 24 a 27 de julho, 2007.
- BALIEIRO, C. C.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S. et al., Estimativas de herdância fenotípicas e genéticas de características de crescimento, temperamento e repelência em bovinos da raça Nelore. VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2010, Maringá. **Anais...** Maringá: SBMA, 2010.
- BARBOSA, L. 2007. **Avaliação genética de suínos utilizando abordagens frequentistas e bayesianas**. Tese (doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa- Minas Gerais, 83.f.
- BARBOSA, L.; LOPES, P. S.; REGAZZI, A. J. et al. Estimation of genetic parameters for performance traits in pigs by gibbs sampling and restricted maximum likelihood. In: World congress on genetics applied to Livestock Production, Belo Horizonte – MG, August, 2006b. **Anais...** Belo Horizonte: WCGALP.
- BAYES. T.; PRINCE. C. **An essay towards Solving a problem in the doctrine of chances.1763**. Disponível em: <http://royalsocietypublishing.org/subscriptions>> Acesso 15 de Novembro 2012.
- BLASCO, A. The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal Animal Science**, Champaign, v. 79, p. 2023-46, 2001.
- BOLDMAN, K. G.; KRIESE, L. A.; VAN VLECK, L. D.; VAN TASSEL, C.P.; KACHMAN, S. D. **Animal for use of MTDFREML**. Set of programs to obtain estimates of variances and covariances (DRAFT). Lincoln: Department of Agriculture/ Agriculture research Service, 1995. 125 p.
- BOLIGNON, A. A.; RORATO, P. R. N.; WEBER, T. et al., Herdabilidades para ganho de peso da desmama ao sobreano e perímetro escrotal ao sobreano e tendências genéticas e fenotípicas para ganho de peso da desmama ao

- sobreano em bovinos Nelore – Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.35, n. 4, p. 1323-1328, 2006.
- BOLIGON, A. A.; PEREIRA, R. J.; AYRES, D. R.; ALBURQUEQUE, L. G. Influence of data structure on the estimation of the additive genetic direct and maternal covariance for early growth traits in Nelore cattle. **Livestock Science**, v. 145, p. 212-218, 2012.
- BUENO, R. S.; FERRAZ, J. B. S.; LOPES, P. S.; ELER, J. P.; ALMEIDA E SILVA, M.; EUCLYDES, R. F.; MATTOS, E. C. Inclusão da epistasia em modelo de avaliação genética de bovinos de corte compostos. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v.63, n.4, p. 948-953, 2011.
- CABRERA, M. E. et al., Efeito de la incorporación de la covarianza genética directa-materna em el análisis de características de crecimiento em lar aza Nelore. **Livestock Research for Rural Development**. v.13, n.3, p. 1-6, 2001.
- 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**., v.41, n.8, p 1858-1865, 2012.
- CAMPÊLO, J. E. G.; LOPES, P. S.; TORRES, R. A.; EUCLYDES, R. F.; SILVA, L. O. C.; ARAÚJO, C. V.; PEREIRA, C. S. Heterogeneidade de variância de avaliação genética de bovinos da raça Tabapuã em análises com efeitos maternos. **Revista de Ciência de Produção Animal**., v.3, n.1, p. 83-96, 2001.
- CARDOSO, F. F. **Manual de utilização do Programa INTERGEN** – Versão 1.0 em estudos de genética quantitativa animal. Bagé. EMBRAPA. 2008. 75p. (DOCUMENTOS, 74).
- CARLIN, B.P.; LOUIS, T.A. **Bayes and empirical bayes methods for data analysis**. 2.ed. London: Chapman and Hall, 2000. 419p.
- CARNEIRO JÚNIOR, J. M.; ASSIS, G. M. L.; EUCLYDES, R. F.; MARTINS, W. M. O.; WOLTER, P. F. Predição de valores genéticos utilizando inferência bayesiana e frequentista em dados simulados. **Acta Scientiarum Animal Sciences**. Maringá, v.32, n. 3, p.337-344, 2010.
- COSTA, G. Z.; QUEIROZ, S. A.; OLIVEIRA, J. A.; FRIES L. A. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de escores visuais e de ganho médio de peso do nascimento a desmama de bovinos da raça Brangus.. **Arquivos Veterinária**, Jaboticabal ,v.24, n.3, 172-176, 2008.

- COSTA, M. T. G. P.; SANCHES, A.; MUNARI, D. P. Estimaco Bayesiana de Parmetros Genticos de Pesos corporais em um rebanho de raa Guzer. **Nucleus Animalium**, v. 1, n.1, maio 2009.
- CUCCO, D. C. 2008. **Estimativa de parmetros genticos para crescimento e permetro escrotal na raa Pardo Suo Corte**. Dissertao (Mestrado) - Universidade de So Paulo, Pirassununga – SP.83f.
- CYRILLO, J. N. S.G.; ALENCAR, M. M.; RAZOOK, A. G.; MERCADANTES, M. E. Z.; FIGEIREDO, L. A. Modelagem e estimaco de parmetros genticos e fenotpicos para pesos do nascimento  seleo (378 dias) de machos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia.**, v.33, n.6, p. 1405-1415, 2004.
- DESENBAHIA. **O Mercado da pecuria de corte na Bahia**. Disponvel em:<
<http://www.desenbahia.ba.gov.br/uploads/0706201112203750Pecuria.pdf>>
Acesso em 10 junho de 2012.
- DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G.; TONHATI, H. et al., Estimaco de parmetros genticos para peso em diferentes idades para animais da raa Tabapu. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.34, n.6, p. 1914- 1919, 2005.
- DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G.; TONHATI, H.; TEIXEIRA, R.A. Estimaco de Parametros Geneticos para Peso em Diferentes Idades para Animais da Raca Tabapua. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.34, n.6, p.1914-1919, 2005.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C.; **Introdution to quantitative genetics**. 4 ed. New York: Longman Scientific and Technical, 1996. 464p.
- FARIA, C. U.; MAGNABOSCO, C. U.; ALBUQUERQUE, L. G.; REYS, A. L.; BEZERRA, L. A. F.; LBO, R. B. Abordagem Bayesiana e Frequentista em anlise gentica tricarter para crescimento e rreproduo de bovinos Nelore. **Cincia Animal Brasileira**, v.9, n. 3, p. 598-607, 2008.
- FARIA, C. U.; MAGNABOSCO, C. U.; LBO, R. B. et al. Inferncia Bayesiana e sua aplicao na avaliao gentica de bovinos da raa Nelore: Reviso Bibliogrfica. **Cincia Animal Brasileira**, v. 8, p. 75-86, 2007.
- FERNANDES, H. D.; FERREIRA, G. B. B.; NOGARA, P. R. Tendncias e parmetros genticos para caractersticas pr-desmama em bovinos da raa Charols criados no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viosa, v.31, n.1, p.321-330, 2002.
- FERNANDES, H. D.; FERREIRA, G. B. Estudo comparativo de sete diferentes modelos estatsticos para a caracterstica ganho de peso em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia.**, v.29, n.5, p.1340-1348, 2000.

- FERRAZ FILHO, P. B.; SILVA, L. O. C.; ALENCAR, M.M. et al. Tendência genética em pesos de bovinos da raça Nelore Mocha no Brasil. **Arquivo de Ciência Veterinária e Zoologia**. v.5, n.1, p. 009- 013, 2002.
- FERRAZ FILHO, P.B.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C. et al., Tendência genética de efeitos direto e materno sobre os pesos à desmama e pós-desmama de bovinos da raça Tabapuã no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.31, n.2, p.635-640, 2002.
- FERRAZ FILHO, P.B.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C.; SOUZA, J.C. et al., Herdabilidade e correlações genéticas para características de crescimento de animais da raça Tabapuã. In: Reunião anual da sociedade brasileira de Zootecnia, Viçosa, MG. **Resumos...** Viçosa: SBZ, 2000.
- FERREIRA, G. B.; MacNEIL, M. D.; VAN VLECK, L.D. Variance components and breeding values for growth traits from diferente statistical models. **Journal of animal Science**, Champaign, v.77, p. 2641-2650, 1999.
- FERREIRA, L. J.; BORJAS, A. L. R.; CARVALHEIRO, R.; LÔBO, R. B.; Efeitos da inclusão da covariância genética direta-maternal no modelo e dos valores reais das (co) variâncias sobre suas estimativas para peso à desmama em bovinos de corte. **Revista Ciência Animal Brasileira**, Goiânia, v.12, n.3, p.435-442, 2011.
- GARCIA, F. Q.; FERRAZ FILHO, P.B.; SOUZA, J.C. et al., Tendência dos efeitos genéticas diretos e maternos do peso a desmama de bovinos da raça Nelore Mocha na região recuaria Campo Grande e Dourados- Mato Grosso do Sul. **Arquives of Veterinary Science**. v.8, n.1, p. 93- 97, 2003.
- GEWEKE, J. **Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments**. In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMIT, A.F.M. (Eds.). Bayesian statistics. New York: Oxford University, 526p, 1992.
- GIANOLA, D., FOULLEY, J. L. Variance estimation from integrated likelihood (VEIL). **Geneics, Selection, Evolution**., v.22, p.403-17, 1990.
- GUETERRES, L. F. W.; RORATO, P. R. N.; BOLIGNON, A. A. et al., Efeito da inclusão da covariância genética aditiva- materna no modelo de análise sobre a magnitude das estimativas de parâmetros e valores genéticos preditos para ganho de peso na raça Brangus. **Ciência Rural**. V.37, n.3, p. 809- 814, 2007.
- GUIMARÃES, L.B.; FERRAZ FILHO, P.B.; SOUZA, J.C. et al., Aspectos genéticos e de ambiente sobre pesos pré e pós desmama em bovinos da raça Tabapuã na região pecuária oeste São Paulo-Paraná. **Arquives of Veterinary Science**. v.8, n.1, p. 109- 119, 2003.

- HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, Landing, v.31, n.6, p.1109-1144, 1993.
- HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF Dr. J. L. LUSH, 1973, Blacksburg. **Proceedings...** Champaign: ASAS/ADSA, 1973. p. 10-41.
- HOESCHELE, I. additive and nonadditive 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.; BARBOSA, S. B. P.; RIBEIRO, A.C. et al., Tendências genéticas para crescimento em bovinos Nelore em Pernambuco, Brasil. **Archivos de Zootecnia**. v53, p. 185- 194, 2004.
- JACINTO, E. J.; MARTINS FILHO, R.; MALHADO, C. H. M. et al., 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.
- JENSEN, J.; WANG, S. C.; SORENSEN, D. A. et al. Bayesian inference on variance and covariance for traits influenced by maternal and direct effects, using the Gibbs sampler. **Acta Agriculture Scandinavica Section A – animal Science**, v.44, p.193-201, 1994.
- KASS, R.E.; RAFTERY, A.E. Bayes factors and model uncertainty. **Journal of the American Statistical Association**, Alexandria, v.90, n.430, p.773-795, 1995.
- LAUREANO, M. M. M.; FORNI, S.; COSTA, R. B. et al., Estimativas da tendência genética de características de crescimento pré- desmama em bovinos da raça Nelore. In: V Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: SBMA, 2004.
- LAUREANO, M. M.M.; BOLIGON, A.A.; COSTA, R. B. et al., Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v.63, n.1, p. 143- 152, 2011.
- LIMA, A.E.S.; FERRAZ FILHO, P.B.; SILVA, L.O.C. et al., Efeitos genéticos diretos e maternos e sua tendências em peso à desmama de bovinos da raça Nelore Mocha, na região pecuária de Goiás. **Archives of Veterinary Science**. v.10, n.2, p. 69-74, 2005.
- LIN, E. C.; BERGER, P.J. Comparison of (co) variance component estimates in control populations of red flour beetle(*Tribolium castaneum*) using restricted

- maximum likelihood and Gibbs sampling. **Journal of Animal Breeding Genetics**. v.118, p.21-36, 2001.
- MADUREIRA, A.P.; OLIVEIRA, H.N.; ROSA, G.J.M. et al., Inferência bayesiana na predição de valores genéticos do peso aos 365 dias de bovinos de corte. **Archivos de Zootecnia**. v.58, n.222, p. 265- 275, 2009.
- MAGNABOSCO, C. D. U.; LÔBO, R. B.; FAMULA, T. R. Bayesian inference for genetic parameter estimation on growth traits for Nelore cattle in Brazil, using the Gibbs sampler. **Journal animal Breeding and Genetics**, v.117, p.169-188.2000.
- MAGNABOSCO, C.D.U.; FARIA, C.U.; REYES, A. de Los., et al., Inferência bayesiana para peso ao desmame em bovinos da raça Nelore. In: Reúñion Latino Americana de Producción Animal, 17.,2001, Havana. **Anais...** Havana: Asociación Latinoamericana de Producción Animal, 2001.
- MAGNABOSCO, C. U.; FARIA, C. U.; REYS, A. L.; LÔBO, R.; BARBOSA, V.; SAINZ, R. **Implementação da amostragem de gibbs na estimação de parâmetros genéticos para peso ao desmame na raça Nelore utilizando diferentes esquemas de cadeia amostral**. Planaltina. Embrapa Cerrados, 2002. (Poster Folder).
- MAGNABOSCO, C.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)– Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 1997.
- MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R. et al., Tendência e parâmetros genéticos para o peso aos 205 de idade em bovinos da raça Nelore Mocho no Estado da Bahia. **Revista Científica de Produção Animal**. v.7, n.2, p.28 -34, 2005.
- MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; PEREIRA, D. G. et al., Progreso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no Estado da Bahia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília. v.43, n.9, p. 1163-1169, 2008.
- MALHADO, C. H. M.; MARTINS FILHO, R.; LÔBO, R. N. et al., O efeito da inclusão da covariância entre os efeitos direto e materno sobre os parâmetros genéticos de ganho de peso- pré-desmama e pós-desmama. In: Reunião Anual Brasileira de Zootecnia, 41., 2003, Santa Maria. **Anais...** Santa Maria: SBZ, 2003.
- MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S.; SOUZA, J.C.; PICCININ, A.. Parâmetros e tendências da produção de leite em bubalinos da raça Murrah no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, p.376-379, 2007.

- MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S.; SOUZA, J.C.; PICCININ, A. Parâmetros e tendências da produção de leite em bubalinos da raça Murrah no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, p.376-379, 2007.
- MALHADO, C. H.; LÔBO, R. N. B.; MARTINS FILHO, R.; FACÓ, O.; AZEVEDO, D. M. M. R. Efeito da incorporação da covariância entre os efeitos direto e materno sobre a análise para característica dias para ganhar 160 Kg. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, v. 41, n.1, p. 14-19, 2004.
- MANIATIS, N.; POLLOTT, G. E. The impact of data structure on genetic (co) variance components of early growth in sheep, estimated using an animal model with maternal effects. **Journal of Animal Science**, Ashford, v.81, p.101-108, 2003.
- MARQUES, L. F. A. Variação genética aditiva do crescimento da raça Simental no Brasil, em dois períodos (1977 a 1982) e (1988 a 1993). **Revista Sociedade Brasileira de Zootecnia**, Niterói, v.23, n.6, p.1021- 1029, 1994.
- MARQUES, L. F. A.; PEREIRA, J. C. C.; OLIVEIRA, H. N.; PEREIRA, C. S.; BERGMAN, J. A. G. Componentes de (co) variância e parâmetros genéticos de características de crescimento da raça Simental no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária**, Belo Horizonte, v.51, n.4, 1999.
- MEYER, K. Estimates of covariance components for growth traits of Australian Charolais cattle. **Australian journal of Agricultural Research**, v. 44, p.1501-1508, 1993.
- MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. **Livestock Production Science**, v.32, n.1, p. 179-191, 1992.
- MISTAL, J. 2012. **Fortran Programs**. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php?id=readme.gibbs3>>. Acesso em 13 de setembro 2012.
- MUNIZ, C. A. S. D.; CARVALHEIRO, R.; FRIES, L. A.; QUEIROZ, S. A. Dois critérios de seleção na pré-desmama em bovinos da raça Gir. Estimativas de parâmetros genéticos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n. 3, p. 807-815, 2005.
- NASCIMENTO, M. 2009. **O uso de simulação de Monte Carlo via cadeias de Markov no melhoramento genético**. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa – MG. 111f.
- 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**, v. 65, p. 59-88, 2004.

- NOGUEIRA, D.A.; SÁFADI, T.; BEARZOTI, E. et al. Análise clássica e bayesiana de um modelo misto aplicado ao melhoramento animal: uma ilustração. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras. Edição Especial, p.1614-1624, dez., 2003.
- OLIVEIRA, C. A. L.; MARTINS, E. N.; FREITAS, A. R. et al., Estimacão de componentes de variância, em características de crescimento, utilizando-se máxima verossimilhança restrita e inferência bayesiana. In: III Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, 2000, São Carlos, SP. **Anais...** São Carlos: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2000.
- OLIVEIRA, C. A. L.; MARTINS, E. N.; FREITAS, A. R.; ALENCAR, M. M. **Estimacão de componentes de variância, em características de crescimento, utilizando-se máxima verossimilhança restrita e inferência bayesiana**, 2009. Disponível em: <<http://sbmaonline.org.br/anais/iii/trabalhos/pdfs/iiit22bc.pdf>> Acesso em 24 de agosto 2012.
- OLIVEIRA, C. A. L.; SILVA, L. O. C.; MARTINS, E. N.; VERDI, R.; TRANNIN, R. **Avaliacão genética para características de crescimento em animais da raça Nelore utilizando inferência bayesiana**. Anais do IV Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, 2002.
- OLIVEIRA, C.A.L. Avanços em melhoramento genético de raças de bovino de corte: melhoramento da habilidade materna. II SIMBOI- Simpósio sobre desafios e novas tecnologias na bovinocultura de corte, Brasília-DF, 2006.
- PARTTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p.545-554, 1971.
- PEDROSA, V. B.; ELLER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; SILVA, J. A. V.; RIBEIRO, S.; SILVA, M. R.; PINTO, L. F. B. Parâmetros genéticos do peso adulto e características de desenvolvimento ponderal na raça Nelore. **Revista Brasileira de Saúde e ProduçãO Animal**, v.11, n. 1, p. 104-113, 2010.
- PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento Genético aplicado à ProduçãO Animal**. 4a ed. Belo Horizonte: FEPMVZ, 609p, 2004.
- PEREIRA, J.C.C.; RIBEIRO, S.H.A.; BERGMANN, J.A.G. et al., Análise genética de características ponderais e reprodutivas de fêmeas bovinas Tabapuã. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v.57, supl.2, p. 231-264, 2005.
- PIMENTA FILHO, E. C.; MARTINS, G. A.; SARMENTO, J. L. R.; RIBEIRO, M. N.; MARTINS FILHO, R. Estimativas de herdabilidade de efeitos direto e materno de características de crescimento de bovinos Guzará, no Estado da

Paraíba. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Paraíba, v.30, n.4, p. 1220-1223, 2001.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em: <<http://www.R-project.org>>. On line. Acesso em: 2011.

RAFTERY, A E.; LEWIS, S. M. One long run with diagnostics: Implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo. **Statistic Science**, v.7, p 493-497, 1993.

RAFTERY, A.L.; LEWIS, S. How many iterations in the Gibbs sampler? In: BERNARDO, J.M. et al. (Ed.). **Bayesian statistics**. Oxford, USA: University, 1992. p.763-774.

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

RIBEIRO, M. C. R. 2001. **Alguns aspectos computacionais em estatística Bayesiana**. Dissertação (Mestrado) - Faculdade de Ciências da Universidade de Lisboa, Lisboa.

RIBEIRO, S.; PEDROSA, V. B.; ELER, J.P. et al., Estimação dos componentes de (co) variância e parâmetros genéticas da característica peso à desmama em bovinos Nelore utilizando-se métodos REML e Bayesiano. In: VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2008, São Carlos, São Paulo, SP. **Anais...** São Carlos: SBMA, 2008.

RIBEIRO, S.H.A.; PEREIRA, J.C.C.; VERNEQUE, R.S. et al., Efeito da covariância genética-materna sobre estimativas de parâmetros genéticos e em avaliações genéticas de características de crescimento de animais Tabapuã. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v.61, n.2, p.401-406, 2009.

RIBEIRO, S.H.A.; PEREIRA, J.C.C.; VERQUENE. R.S. et al., 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.

RORATO, P. R. N.; ARAÚJO, R. O.; MARCONDES, C. R. et al., Tendências genéticas e fenotípicas para características produtivas e reprodutivas para fêmea da raça Nelore. In: IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2012, João Pessoa. **Anais...** João Pessoa: SBMA, 2012.

- SANTOS, G. C. de J.; LIRA, T. S.; PEREIRA, L. S. et al., Tendências genéticas de características de crescimento (pós- desmama) em rebanhos Nelore criados na região do Trópico Úmido do Brasil. In: IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2012, João Pessoa. **Anais...** João Pessoa: SBMA, 2012.
- SANTOS, G. C. de J.; LOPES, F. B.; MARQUES, E. G. et al., Tendência genética para pesos padronizados aos 205, 365 e 550 dias de idade de bovinos Nelore da região norte do Brasil. **Acta Scientiarum**. v.34, n.1, p 97- 101, 2012.
- SANTOS, H. L.; OLIVEIRA, S. M. P.; MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R.; LÔBO, R. N. B.; RODRIGUES, D. S. Estrutura populacional e tendências genéticas e fenotípicas da raça Guzerá no Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**. Salvador, v.13, n.4, p.1032-1043. Outubro 2012.
- SANTOS, P. F.; MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S. et al., Tendência genética, fenotípica e ambiental para o peso ao desmame de bovinos da raça Indubrasil no Estado da Bahia. **Revista Científica de Produção Animal**. v9, n.1, 2007.
- SANTOS, P. F.; MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L.S. et al., Tendência genética, fenotípica e ambiental para o peso ao desmame de bovinos da raça Indubrasil no Estado da Bahia. **Revista Científica de Produção Animal**. v.9, n.1, p.18-24, 2007.
- STATISTICAL ANALYSIS SYSTEMS - SAS. User's guide.** Version 8.2.1. 2002.
- 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.
- SIGNORETTI, P. N.; OLIVEIRA, H. N.; FIGUEIREDO, L. G. G.; BONIFÁCIO, S. **Inferência bayesiana na estimação de componentes de (co) variância e parâmetros genéticos para características de desenvolvimento ponderal da raça Simental no Brasil**. Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Campus Botucatu- SP. 2007. Disponível em: <http://prope.unesp.br/xxi_cic/27_34945546843.pdf> Acesso em 18 de julho de 2012.
- SILVA, JA.; FORMIGONI, IB.; ELER, JP.; FERRAZ, JBS. 2006. Genetic relationship among stayability, scrotal circumference and post-weaning weight in Nelore cattle. **Livestock Science**, v.99, p.51-59.
- SILVA, M.V.G.B.; COBUCI, J.A.; FERREIRA, W.J.; OLIVEIRA, P.R.P.; MACHADO, M.A.; FERREIRA, C.P. Efeitos geneticos e de ambiente em

um rebanho do ecótipo Mantiqueira. I. características reprodutivas. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, .v.30, n.3, p. 522-528, 2006.

SILVA,. I.S.2004. **Componentes de (Co)variância e parâmetros genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Guzerá usando diferentes estratégias de análise**. Tese (Doutorado) -Escola Superior de Agricultura “Luiz Queiroz” da Universidade de Sao Paulo – SP. 106f.

SMITH, B. J. Bayesian output analysis program (BOA) version 1.1.7.2 **User’s manual**. Iowa: University Of Iowa., 2007.

SMITH, C. Rates of genetic change in farm. **Livestock. Research Devolopment Agricultural**, v.1, n.2, p.79-85, 1984.

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

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

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

SOUSA JÚNIOR, S.C.; ARAÚJO NETO, F.R.; OLIVEIRA, H.N. et al., Estimacão bayesiana de componentes de (co) variância de características ponderais na raça Tabapuã. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**. v.12, n.2, p.350-358, 2011.

SOUZA, J. C.; SILVA, L. O. C.; GONDO, A. et al., Parâmetros e tendências genética de peso de bovinos criados à pasto no Brasil. **Archivos de Zootecnia**. v.60, n. 231, p. 457- 465, 2011.

SOUZA, J.C.; MALHADO, C. H.M.; SILVA, L. O. C. et al., Parâmetros e tendência genética em bovinos da raça Guzerá na microrregião Mata e Agreste no nordeste do Brasil. **Revista Acadêmica: Ciências Agrárias e Ambientais, Curitiba**. v.2, n.2, p. 47-52, 2004.

SPIEGELHALTER, D. J.; BEST, N. G.; CARLIN, B. R.; VAN DER LINDE, A. Bayesian measures of model complexity and fit. **Journal of the Royal Statistical Society Series B-Statistical Methodology**, Oxford, v. 64, n. 4, p. 583-616, Oct. 2002.

TORRES, J.M.C.; SANCHES, A.; CROSSA, A. Abordagem bayesiana de modelos para análise da interação genótipo por ambiente no melhoramento de plantas. In: REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO BRASILEIRA DA SOCIEDADE

INTERNACIONAL DE BIOMETRIA, 52, 2007. Santa Maria. **Anais...**
Santa Maria: RBRAS. 2007. [CD-ROM].

VAN TASSEL, C. P., VAN VLECK, L. D. **A manual for use of MTDGSAM**. A set of fortran programs to apply gibbs sampling to animal models for variance component estimation. (DRAFT) Lincoln: Department of Agriculture/ Agricultural Research Service, 1995. 86p.

VAN TASSEL, 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 Animal Science**, v. 74, p. 2586-2597, 1996.

VERCESI FILHO, A. E.; FARIA, F. J. C.; MADALENA, F. E.; JASAHKIAN, L. A. Estrutura populacional do rebanho registrado no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Zootecnia**, v. 54, n.6, 2002.

WANG, C. S.; GIANOLA, D.; SORENSEN, D. A.; JENSEN, J.; CHRISTENDEN, A.; RUTLEDGE, J. J. Response to selection for litter size in Danish Landrace Pigs: A Bayesian analysis. **Theoretical and Applied Genetics**., v.88, p. 220-230, 1994.

WALDRON, D.F.; MORRIS, C. A.; BAKER, R. L. et al. Maternal effects for growth traits in beef cattle. **Livestock Production Science**., v.34, p.57-70, 1993.

WEBER, T.; RORATO, PRN.; LOPES, JS.; COMIN, JG.; DORNELLES, M de A.; ARAÚJO, R. 2009. Parâmetros genéticos e tendências genéticas e fenotípicas para escores visuais na fase pós-desmama de bovinos da raça Aberdeen Angus. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.39, n.3, p.832-837.

WRIGHT EM, ROYSTON PA. A comparison of statistical methods for age-related reference intervals. **Journal of the Royal Society Interface**, v. 160:47-69, 1997.

WRIGTH, D.R., STEM, H.S.; BERGER, P.J. Comparing traditional and Bayesian analyses os selection experiments in animal breeding. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, v. 5, p. 240-256, 2000.