



UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA
PROGRAMA DE PÓS GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA
CAMPUS DE ITAPETINGA

PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE
CRESCIMENTO EM BUBALINOS DA RAÇA MEDITERRÂNEA
ESTIMADOS POR INFERÊNCIA BAYESIANA

ÉDERSON SILVA SILVEIRA

ITAPETINGA – BA
2012

ÉDERSON SILVA SILVEIRA

**PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM
BUBALINOS DA RAÇA MEDITERRÂNEA ESTIMADOS POR INFERÊNCIA
BAYESIANA.**

Dissertação apresentada à Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB/ *Campus* de Itapetinga – BA, para obtenção do título de Mestre em Zootecnia – Área de Concentração em Produção de Ruminantes

Professor Orientador: D.Sc. Carlos Henrique Mendes Malhado

Professor Co-orientador: D.Sc. Paulo Luiz Souza Carneiro

**ITAPETINGA – BA
2012**

636.082 S587p	Silveira, Éderson Silva. Parâmetros genéticos para características de crescimento em bubalinos da raça Mediterrânea estimados por Inferência Bayesiana. / Éderson Silva Silveira. – Itapetinga-BA: Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, 2012. 55 fl.. Dissertação de Mestrado do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - UESB - <i>Campus</i> de Itapetinga. Sob a orientação do Prof. D.Sc Carlos Henrique Mendes Malhado e co-orientador Prof. D. Sc. Paulo Luiz Souza Carneiro. 1. Bubalinos – Raça Mediterrâneo – Crescimento. 2. Bubalinos – Melhoramento genético – Inferência Bayesiana. I. Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, <i>Campus</i> de Itapetinga. II. Malhado, Carlos Henrique Mendes. III. Carneiro, Paulo Luiz Souza. IV. Título. CDD(21): 636.082
------------------	---

Catálogo na Fonte:

Cláudia Aparecida de Souza– CRB 1014-5ª Região
Bibliotecária – UESB – Campus de Itapetinga-BA

Índice Sistemático para desdobramentos por Assunto:

1. Bubalinos : Raça Mediterrâneo : Crescimento.
2. Bubalinos : Melhoramento genético : Inferência Bayesiana.
3. Melhoramento genético : Bubalinos : Raça Mediterrâneo

DECLARAÇÃO DE APROVAÇÃO


Título: “Parâmetros Genéticos para Características Produtivas de Búfalos Mediterrâneos Obtidos por Inferência Bayesiana”.

Autor (a): Éderson Silva Silveira


Orientador (a): Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

Co-orientador (a): Paulo Luiz Souza Carneiro


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

Documento assinado digitalmente
 CARLOS HENRIQUE MENDES MALHADO
Data: 17/04/2025 18:28:16-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado – UESB
Orientador

Documento assinado digitalmente
 PAULO LUIZ SOUZA CARNEIRO
Data: 22/04/2025 10:20:03-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro – UESB

Documento assinado digitalmente
 JULIO CESAR DE SOUZA
Data: 23/04/2025 08:53:02-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Júlio Cezar de Souza – UFMS

Ao meu pai, pelo amor incessante, pelos afetos incansáveis, encorajamento e orgulho sem precedentes pela minha pessoa.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por ser princípio em tudo;

A minha família, por acreditar em mim;

Aos professores D.Sc. Carlos H. M. Malhado e D.Sc. Paulo L. S. Carneiro, pela paciência dispensada, pelas aulas em forma de orientação e por não desistirem de mim;

À CAPES, pela concessão da bolsa de estudo;

Aos colegas pelo companheirismo e apoio durante todo tempo.

BIOGRAFIA

ÉDERSON SILVA SILVEIRA, filho de Eduardo Silveira Virgens (*in memoriam*) e Ildete Silva Silveira, nasceu em 08 de novembro de 1983, em Itapetinga, Bahia.

Em 2002 iniciou o curso de Zootecnia na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB, finalizando o mesmo em 2007.

Em março de 2008, iniciou o curso de Pós – Graduação em Meio Ambiente e Desenvolvimento, pela mesma instituição, finalizando o mesmo em 2009.

Iniciou o curso de Pós Graduação em Zootecnia – Mestrado em Zootecnia, na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB, Concentração em Produção de Ruminantes.

Em 09 de fevereiro de 2012, defendeu a presente Dissertação.

RESUMO

SILVEIRA, E.S. **Parâmetros genéticos para características de crescimento em bubalinos da raça Mediterrânea estimados por Inferência Bayesiana.** Itapetinga-BA: UESB, 2012 (Dissertação – Mestrado em Zootecnia, Área de concentração em Produção de Ruminantes).*

O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos para os pesos ao nascimento (PN), 205 dias de idades (P205) e 365 dias de idade (P365), para búfalos (*Bubalus bubalis*) da raça Mediterrâneo, utilizando inferência Bayesiana. Os dados utilizados neste estudo pertencem ao Programa de Melhoramento Genético de Bubalinos – PROMEBUL, sendo utilizados 5.169, 3.792 e 3.883 observações para PN, P205 e P365, respectivamente. Foram estimados os componentes de variância, coeficientes de herdabilidade e estimadas as correlações genéticas, ambientais e fenotípicas. Análises bivariadas foram realizadas com o amostrador de Gibbs para obter estimativas de variância e covariância. As médias observadas foram $37,6 \pm 4,7$ kg (PN), $192,7 \pm 40,3$ kg (P205) e $298,6 \pm 7,4$ kg (P365). As estimativas de herdabilidades direta (moda), foram 0,30 para PN, 0,52 para P205 e 0,54, para P365. As estimativas de herdabilidade materna foram 0,31 (PN), 0,19 (P205) e 0,21 (P365). Considerando PN os valores para correlações genéticas, ambientais e fenotípicas foram: 0,34; 0,01; 0,12; e 0,25; 0,05; 0,11; respectivamente para P205 e P365. As correlações entre P205 e P365, apresentaram alta magnitude, sendo os valores desta correlação genética, ambiental e fenotípica 0,74; 0,67; 0,72; respectivamente. Os dados analisados sugerem que a característica de PN possui baixas associações genéticas, ambientais e fenotípicas. As características P205 e P365 possuem alta correlação genética entre si, permitindo a utilização de qualquer uma das duas num programa de seleção. Os altos valores de herdabilidade indicam grande oportunidade de ganho com a seleção.

Palavras-chave: *Bubalus bubalis*; correlação genética, fenotípica e ambiental; herdabilidade; peso.

*Orientador: Carlos Henrique Mendes Malhado, D. Sc., UESB e Co-orientador: Paulo Luiz Souza Carneiro, D.Sc., UESB.

ABSTRACT

SILVEIRA, E.S. **Genetic parameters for Bayesian inference forcutting Mediterrean buffalo**, Itapetinga-BA, 2012 (Dissertation – Master in Animal Science, Area of concentration in Ruminant Production).*

The objective of this study was to estimate genetic parameters for birth weight (BW), 205 days of age (W205) and 365 days of age (W365) in buffaloes (*Bubalus bubalis*) of the Mediterranean race, using Bayesian inference. The data used in this study belong to the Program for Genetic Improvement of Buffaloes – PROMEBUL, being used 5.169, 3.792 and 3.883 observations for BW, W205 and W365, respectively. Was estimated the variance components, heritability coefficients and estimated genetic correlations, environmental and phenotypic. Bivariate analyses were performed with the Gibbs sampler to obtain estimates of variance and covariance. The averages were 37.6 ± 4.7 kg (BW), 192.7 ± 40.3 kg (W205) and 298.6 ± 7.4 kg (W365). Estimates of direct heritability (modes), were 0.30 for BW, 0.52 and 0.54 for W205 and W365. The maternal heritability estimates were 0.31 (BW), 0.19 (W205) and 0.21 (W365). Considering PN values for genetic correlation, phenotypic and environmental were: 0.34, 0.01, 0.12 and 0.25, 0.05, 0.11, respectively for W205 and W365. Correlations between W205 and W365, showed high magnitude, the values of genetic correlation, environmental and phenotypic 0.74, 0.67 and 0.72, respectively. The data suggest that the characteristic of PN have low genetic associations, environmental and phenotypic. The characteristics of W205 and W365 have a high genetic correlation between them, allowing the use of either of a selection program. The high heritability values indicate great opportunity to gain with selection.

Keywords: *Bubalus bubalis*; genetic correlations, phenotypic and environmental; heritability; weight.

*Adviser: Carlos Henrique Mendes Malhado, D. Sc., UESB and Co-adviser: Paulo Luiz Souza Carneiro, D.Sc., UESB.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Média, desvio padrão (DP), mediana, moda e intervalo de densidade <i>a posteriori</i> (IDP) dos parâmetros genéticos para características de PN, P205 e P365.....	28
Tabela 2. Correlações genéticas, ambientais e fenotípicas com PN e P210, PN e P365, P210 e P365.....	33

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. A distribuição <i>posteriori</i> da herdabilidade direta para PN estimada por inferência bayesiana.....	29
Figura 2. A distribuição <i>posteriori</i> da herdabilidade materna para PN estimada por inferência bayesiana.....	30
Figura 3. A distribuição <i>posteriori</i> da herdabilidade direta para P205 estimada por inferência bayesiana.....	31
Figura 4. A distribuição <i>posteriori</i> da herdabilidade direta para P365 estimada por inferência bayesiana.....	31
Figura 5. A distribuição <i>posteriori</i> da herdabilidade materna para P205 estimada por inferência bayesiana.....	32
Figura 6. A distribuição <i>posteriori</i> da herdabilidade materna para P365 estimada por inferência bayesiana.....	32
Figura 7. PN e P205 – Correlação Genética.....	34
Figura 8. PN e P205 – Correlação ambiental.....	35
Figura 9. PN e P205 Correlação Fenotípica.....	35
Figura 10. PN e P365 – Correlação Genética.....	36
Figura 11. PN e P365 – Correlação Ambiental.....	36
Figura 12. PN e P365 – Correlação Fenotípica.....	37
Figura 13. P205 e P365 – Correlação Genética.....	38
Figura 14. P205 e P365 – Correlação Ambiental.....	38
Figura 15. P205 e P365 – Correlação Fenotípica.....	39

LISTA DE SÍMBOLOS

σ^2_a	aditivo direto componente de variância genética;
σ^2_m	aditivo materno componente de variância genética;
σ^2_{pe}	variância de ambiente permanente
σ^2_e	variância residual
σ^2_p	variância fenotípica
h^2	herdabilidade direta
h^2_m	herdabilidade materna
r_{m}	correlação direta materna.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	14
2	REVISÃO DE LITERATURA.....	16
2.1	O búfalo Mediterrâneo.....	16
2.2	Medidas de Desenvolvimento Ponderal.....	17
2.3	Componentes de (co) Variância e Parâmetros Genéticos.....	19
2.4	Inferência Bayesiana.....	21
3	MATERIAL E MÉTODOS.....	24
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	27
5	CONCLUSÕES.....	40
6	REFERÊNCIAS.....	41
7	APÊNDICE.....	47

1 INTRODUÇÃO

Os búfalos foram introduzidos no Brasil há aproximadamente cem anos, vindos dos continentes europeu e asiático. As principais importações ocorreram principalmente da Itália, o que contribuíram para a formação de um grande efetivo da raça Mediterrânea, que forma a base da população de búfalos do Brasil. O rebanho inicial apresentou um número considerável de animais, demonstrado pelas numerosas importações realizadas pelos criadores do Pará.

A raça Mediterrânea teve sua origem com base em várias raças, apresentando grande variabilidade fenotípica e boa adaptação aos processos de seleção natural. É tida como de duplo propósito. No Brasil, a mesma é utilizada principalmente para produção de carne (MARQUES et al., 2006). Os búfalos são animais rústicos, longevos, com grande capacidade adaptativa e resistência as doenças infectocontagiosas e aos endo e ectoparasitos, o que tem permitido ocupar espaços nunca utilizados pelos bovinos e zebuínos. Além do mais, seu desempenho produtivo, de carne e leite e reprodutivo, tem despertado interesse de pesquisadores e criadores (RAMOS et al., 2002).

Nos países em desenvolvimento, a importância do melhoramento para a produção e melhoria da qualidade da carne e do leite é subestimada, provavelmente pelo fato de que a resposta a melhoria das condições ambientais é de fácil observação e também pelo fato da valorização econômica de um animal ser, em muitos casos, obtida com base nos seus caracteres reprodutivos e raciais (TONHATI et al., 2006). No Brasil, os búfalos são criados há algumas décadas sem a existência de programas intensos de melhoramento genético (EUCLIDES FILHO, 2000) e pouco se tem feito visando o progresso da espécie (MARQUES et al., 2006).

Segundo Santos (2009), o melhoramento genético representa, dentre outras, uma alternativa para aumentar a produção animal, alterando a constituição genética dos rebanhos por meio da seleção, promovendo ganhos permanentes e acumulativos.

Marcondes et al. (2000), afirmam que as medidas de desenvolvimento ponderal, como os pesos ajustados, tem servido tradicionalmente como critério de seleção em programas de melhoramento de rebanhos de corte no Brasil e estas possuem papel fundamental na estimação de parâmetros genéticos da população, que por sua vez determinam os métodos de seleção.

Apesar de vários trabalhos terem sido conduzidos no país, objetivando conhecer melhor os aspectos relacionados à bubalinocultura, ainda existe grande deficiência de informações

sobre estimativas dos parâmetros genéticos da espécie bubalina (RODRIGUES, 2007). Além disto, o conhecimento do progresso genético alcançado pelos diferentes rebanhos é desconhecido, tanto por criadores que realizam a seleção de modo empírico, bem como por aqueles que participam de programas de melhoramento genético (RAMOS et al., 2006).

A disponibilidade de estimativas de componentes de (co) variância e herdabilidades acuradas, obtidas através de dados de pesagens dos animais, é imprescindível no desenvolvimento de programas de melhoramento genético. Esses parâmetros genéticos são característicos de cada população e podem sofrer alterações, em consequência de seleção, mudanças no manejo, métodos e modelos de estimação, dentre outras causas (YOKOO et al., 2007)

Dentro deste contexto, este trabalho teve como objetivo estimar e avaliar parâmetros genéticos, ambientais e fenotípicos para características produtivas de peso ao nascimento (PN), peso aos 205 dias de idade (P205) e peso aos 365 dias de idades (P365) em búfalos Mediterrâneo utilizando a Inferência Bayesiana.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 O búfalo Mediterrâneo

O atual cenário mundial e suas respectivas projeções merecem uma atenção toda especial quando se refere à manutenção de sua massa populacional. A ascensão social, econômica e política do homem se estabelecem numa estrutura de alimentação onde as proteínas de origem animal possuem papel essencial. Para que se tenha noção do papel destas proteínas, relata-se um diferencial de desenvolvimento dos povos com base no consumo de alimentos de origem animal, onde nações mais desenvolvidas chegam a consumir 46 gramas por dia de proteína animal por habitante, ao mesmo instante em que subdesenvolvidos consomem apenas 8 gramas por dia. Os grandes aliados no combate a desnutrição e mortalidade infantil não são o arroz, banana ou mandioca, mas sim os alimentos superiores, como carne e leite, de origem animal (VILLARES, 2002).

Com sete bilhões de habitantes distribuídos no planeta, requer-se então uma importante fonte de fornecimento de proteína animal, e os bovinos abastecem o homem com cerca de 91% de leite e 80% da carne consumida, demonstrando uma dependência de uma única espécie de ruminantes do gênero *Bos*. Assim gênero *Bubalus*, desponta como importante alternativa de fontes de leite e carne. Hoje a população bovina possui cerca de 1,2 bilhões de representantes no planeta, praticamente 10 vezes maior que o número de bubalinos, contabilizados em 170 milhões de cabeças (SINGH & BARWAL, 2010).

Segundo dados da FAO (FAO, 2010) a população mundial de búfalos é estimada em 174 milhões de cabeças. Dados do Ministério da Agricultura (BRASIL, 2005) e Censo Agropecuário (IBGE, 2005) mostram que os valores do rebanho efetivo correspondem a 1.149 mil cabeças, relativo ao ano de 2003, distribuídos no Norte 62,9%; Nordeste, 9,2%; Sudeste, 9,1%; Sul, 13,2%; e Centro-Oeste, 5,6%. Outras estimativas afirmam que o rebanho bubalino ultrapassa 3 milhões de animais, com crescimento no rebanho na ordem de 10 a 12% ao ano (SILVA et al., 2003; MARIANTE et al., 2003).

O búfalo é uma espécie doméstica distribuída em todos continentes, sendo explorada na produção de leite, carne e trabalho. Países da América do Sul como Argentina, Brasil, Colômbia e Venezuela, dedicam-se principalmente a produção de carne desta espécie,

todavia, o setor leiteiro vem apresentando importante crescimento, sendo este relacionado principalmente a fatores econômicos e de mercado (TONHATI e FACIOLA, 2007).

A raça Mediterrâneo, de origem italiana, apresenta porte médio e são medianamente compactos, com aparência intermediária entre a raça Murrah e a Jafarabadi. É uma raça de dupla aptidão, produzindo leite e carne. Os cruzamentos com as raças Murrah e Jafarabadi ocorrem quando se deseja selecionar estes para produção de leite, e com a Carabao quando a intenção é produzir carne (MARQUES et al., 2006).

Considerada como uma das mais expressivas características da espécie, a produção de carne nos búfalos, sendo seu desempenho considerado superior ao dos zebuínos em diversas condições de manejo e alimentação. Isto se deve ao fato dos búfalos serem utilizados por anos para trabalho animal, o que ajudou na seleção de animais com grande desenvolvimento muscular (TONHATI e FACIOLA, 2007). Devido sua rusticidade, adaptabilidade, eficiência reprodutiva e consumo de uma grande variedade de forragens, o búfalo representa uma ótima alternativa para produção de carne a pasto, o que tem contribuído para um maior número de criadores adeptos a espécie.

O rebanho fundador no Brasil apresentou um número considerável de animais, demonstrado pelas numerosas importações realizadas por criadores do Pará, seguida por outros estados. As introduções mais recentes da Itália, com base em germoplasma conhecido, provocaram uma variabilidade genética na base do rebanho brasileiro, permitindo a mensuração da produção através do progresso genético das características produtivas, principalmente, carne e leite (MARQUES et al., 2006).

Dentre as raças de búfalos criadas no Brasil a Mediterrâneo é a que possui um maior número de representantes e apresenta excelente desempenho produtivo (MARQUES et al., 2006).

2.2 Medidas de desenvolvimento ponderal

As medidas de desenvolvimento ponderal são características relacionadas ao ganho de peso dos animais. Dentre as características relacionadas ao peso, destacam-se: peso ao nascimento (PN); aos 205 dias de idade (P205), associado ao período do desmame; e o peso aos 365 dias de idade (P365). Estas características representam importantes etapas na

trajetória dos búfalos de corte, sendo inclusas como objetivos e critérios de seleção num programa de melhoramento genético (SANTOS, 2009).

O conhecimento dos índices produtivos proporciona uma melhor avaliação do perfil de desempenho do rebanho auxiliando na tomada de decisões mais precisas e efetivas para melhoria de cada característica desejada, sendo estes índices essenciais para o processo de seleção dos melhores animais, descartando os de características não desejáveis (GALDINO et al, 2007).

O PN é de vital importância na eficiência da produção de carne. Campos et al. (1986), ressaltam a importância do PN e o relaciona com o período da gestação, afirmando que o mesmo sofre influência das condições ambientais a que a mãe foi submetida. O PN possui alta correlação com os pesos de idades posteriores. Deseja-se que este não seja muito baixo, pois aumenta a taxa de mortalidade na fase pré-desmame. Além disto, a mensuração desta característica é importante por indicar indiretamente o desenvolvimento do animal ao nascimento, sendo fundamental no momento da seleção de reprodutores, para evitar que sejam selecionados animais de alto PN, pela maior probabilidade de ocasionar partos distócicos (CUCCO, 2008).

Para os búfalos o peso ao nascer é uma característica produtiva de elevada importância zootécnica, explicada pela relação existente entre o PN e a taxa de sobrevivência ao desmame, bem como sua relação com as demais fases de desenvolvimento do animal, quer seja para produção de carne, leite ou animais destinados a reprodução (PEREIRA et al., 2008). Segundo Nogueira et al. (1997), bezerros bubalinos que apresentam maiores pesos ao nascimento tendem a ganhar peso mais rapidamente, pré e pós-desmame. Esta medida ponderal é também uma das primeiras expressões fenotípicas do genótipo individual, podendo ser usada no auxílio à seleção precoce de animais, em programas de melhoramento genético. Pereira (2004), afirma que esta característica possui ampla variação, o que leva a necessidade de aferir o quanto desta variação é de natureza genética e o quanto é de natureza ambiental.

O P205 é obtido durante o momento de desmama dos bezerros e é marcado pelo final da influência direta da vaca sobre o bezerro. No Brasil, a depender do manejo da propriedade, este poderá variar entre o sétimo e oitavo mês após o nascimento.

Outra medida pós desmame é obtida aos 12 meses de idade (P365). Cucco (2008), afirma que para o P365 a influência do efeito materno é discutível, já que é a primeira característica pós desmama e por ser obtida aos 12 meses, considerando que agora é criado independente de sua mãe e que nesta idade apresenta desenvolvimento corporal contínuo.

Segundo Cardoso et al. (2004), o período pós desmama é importante na avaliação de bovinos de corte por corresponder a uma fase próxima do produto final e por melhor representar o ambiente de criação, não sendo influenciado diretamente por efeitos maternos. Entretanto, a expressão da habilidade materna no desempenho do bezerro pode ser confundida com a expressão dos genes para crescimento recebidos de seus pais. A separação dos efeitos genéticos aditivos direto e materno, e de ambiente permanente da mãe, não é simples, nem mesmo em análises unicaracterísticas, uma vez que são necessárias diversas relações de parentesco, o que nem sempre é possível obter em dados de campo (ROBINSON, 1996; MEYER & HILL, 1997).

Siqueira et al. (2003) afirmam que é de estimável importância a redução na idade da pesagem de animais que participam de programas de melhoramento genético, e por consequência, no número de pesagens, pois esta ação permite aos criadores antecipar a comercialização dos machos e também selecionar novilhas para entrarem em reprodução em idades mais jovens.

Em sistemas de produção de animais de corte, a receita resulta da venda dos animais, a desmama ou para abate. Por isso, o ganho de peso pré e pós desmama é um fator determinante na lucratividade do sistema, associado ao desempenho reprodutivo (BITTEENCOURT et al., 2002). Assim a otimização do crescimento pré e pós são de grande valia para obtenção de melhores resultados produtivos (CUCCO, 2008).

2.3 Componentes de (Co) Variância e Parâmetros Genéticos

Os animais domésticos possuem características econômicas de natureza poligênica. Contudo, não se consegue quantificar o número de pares de genes que afetam tais características, fazendo necessária a avaliação do fenótipo. Sabe-se que, quanto mais o ambiente influencia nas ações dos genes, menos exata será a estimativa do genótipo do indivíduo. Entretanto, métodos estatísticos adequados permitem estimar o quanto da variação fenotípica é devido às diferenças genéticas entre os indivíduos e o quanto é devido às diferenças de natureza (PEREIRA et al., 2008).

Segundo Barbosa et al. (2008), a avaliação genética depende da disponibilidade de estimativas de parâmetros genéticos acuradas para as características de maior interesse. A acurácia da estimativa destes parâmetros depende de um conjunto de fatores, entre eles, o

número de informações utilizadas, o modelo estatístico e o método de estimação dos componentes de (co)variância.

Para se avaliar os componentes de (co)variância para características de crescimento, em geral, se obtém os pesos em idades padrão (peso ao nascimento, a desmama, ao ano) ou os ganhos de peso entre duas idades (DIAS et al., 2005). Por meio dos componentes de variância, é possível estimar os parâmetros genéticos, importantes na predição do mérito genético dos indivíduos e na definição do método de seleção mais apropriado.

De acordo com Cassiano et al. (2004), o conhecimento de parâmetros genéticos é necessário na estimativa de valores genéticos, bem como na combinação de características em índices e otimização de esquema de seleção, além da previsão de respostas à seleção. Portanto, para obtenção de êxito na seleção de animais há necessidade destas informações.

Dentre os componentes de variância hereditária a mais importante é aquela devida aos efeitos dos genes, relacionada com a variância total ou fenotípica, definida como herdabilidade. Essa mede a capacidade de transmissão de um caráter de uma geração a outra, indicando o quanto da diferença no desempenho de determinada característica é atribuída a fatores genéticos e ambientais (FALCONER e MACKAY,1996).

Para obtenção de sucesso em programas de melhoramento, depende-se do conhecimento das herdabilidades e correlações genéticas das populações em questão. Cardoso et al. (2004) destaca a importância disto para determinação do método de seleção e na predição do ganho genético para a população de interesse. A herdabilidade é a proporção do efeito genético aditivo dos genes contido na variação fenotípica total. Quanto maior for o componente aditivo para a característica maior será o valor da herdabilidade. Assim, quanto maior for o valor observado para o coeficiente de herdabilidade maior será o progresso genético esperado na seleção dos animais superiores para a característica (CUCCO, 2008).

Quando se considera apenas a ação aditiva dos genes, observamos a herdabilidade direta e materna. A herdabilidade, em amplo sentido, ou seja, a herdabilidade total inclui além dos efeitos aditivos a interação entre eles. Esses parâmetros genéticos dependem da frequência gênica e da variabilidade ambiental (FALCONER e MACKAY,1996), que podem sofrer alterações conforme a média e desvio padrão da população (KOOTTS et al., 1994).

Quando são considerados simultaneamente, dois ou mais caracteres, nos indivíduos de uma população, seus valores fenotípicos podem estar correlacionados, de maneira positiva ou de maneira negativa. As causas dessas correlações fenotípicas podem ser genéticas ou

ambientais. A principal causa genética da correlação fenotípica entre duas características é a ação pleiotrópica dos genes (PEROTTO, 2004).

O ambiente é outra causa de correlação fenotípica na medida em que duas características podem ser influenciadas pelas mesmas diferenças de condições ambientais. Existem fatores ambientais que causam correlações positivas, outras negativas, entre duas características. A associação entre duas características que pode ser observada diretamente é a correlação entre os valores fenotípicos, chamada correlação fenotípica (PEROTTO, 2004).

Caires (2010), afirma que o conhecimento do sentido e da magnitude da correlação entre os efeitos genéticos diretos e maternos é de suma importância em programas efetivos de melhoramento.

Conhecer e quantificar a influência materna, assim como compreender as correlações existentes entre os efeitos genéticos direto e materno sobre os pesos corporais são essenciais no delineamento de programas efetivos de melhoramento, o que resulta na obtenção de estimativas de herdabilidade não viciadas para tais características (SOUZA et al., 2004).

Conforme Silva (2004), o conhecimento dos componentes de variância e dos valores genéticos para características de crescimento em bovinos de corte é fundamental para o desenvolvimento da pecuária de corte nacional, pois possibilita obter maiores avanços genéticos e ganhos de produção no setor. Este fato se aplica também a bubalinocultura de corte, em que são poucos os trabalhos com parâmetros genéticos.

2.4 Inferência Bayesiana

As estimativas dos componentes de variância dos programas de melhoramento genético são obtidas, usualmente, através do método da máxima verossimilhança restrita - REML. Entretanto, por meio desta análise estatística convencional, a distribuição e variância dos estimadores não são conhecidos e assim questões referentes à efetividade da seleção não podem ser respondidas a rigor (RESENDE, 2000).

Os procedimentos frequentistas de estimação REML apresentam propriedades desejáveis, que são bem definidas apenas para amostras grandes, apresentando assim justificativas assintóticas. Porém, por obter apenas estimativas pontuais da variância, diante de uma simples medida de erro, que só teria sentido em amostras muito grandes, bem como diante de dados sob distribuição normal e em análises em que a média e a variância são

desconhecidas, se utilizaria as estimativas de máxima verossimilhança como se fossem parâmetros verdadeiros, desprezando assim seu erro (GIANOLA et al, 1994). A inferência bayesiana se apresenta como uma alternativa a este método, permitindo a obtenção de densidades posteriores das variáveis estudadas, podendo ser utilizada em bancos de dados maiores e menores (FARIA et al, 2007).

A abordagem bayesiana é assim chamada por ter sido elaborada por Thomas Bayes (1736). A inferência bayesiana é baseada no conhecimento da distribuição *a priori*, dos dados amostrais e do cálculo de densidade *a posteriori* dos parâmetros, sendo que a distribuição *a priori* é obtida pela densidade de propabilidade $P(\theta)$, demonstrando o conhecimento dos parâmetros a serem estimados (MORAIS, 2008). A distribuição *a posteriori* de um parâmetro θ contém toda informação probabilística de interesse a respeito do mesmo. Deste modo, a inferência sobre o parâmetro é realizado por meio desta distribuição (REIS et al, 2008).

Assim, a inferência aborda o problema de modo subjetivo, como uma possibilidade admissível de uma proposição, limitado ao conhecimento do pesquisador. A dúvida relativa ao θ pode assumir diferentes graus, representados pelos modelos probabilísticos para θ . Desta forma, tanto os parâmetros do modelo estatístico como as quantidades observáveis são tidas como quantidades aleatórias. Os parâmetros do modelo estatístico representam a diferença fundamental da abordagem bayesiana em relação à clássica, que considera o parâmetro como uma quantidade fixa e desconhecida, à qual se aproxima no processo de inferência (URTUBEY, 2004).

Os métodos de simulação Monte Carlo em Cadeias de Markov (MCMC), dentre os quais se destaca a Amostragem de Gibbs, podem ser utilizados como um mecanismo de modo a permitir uma inferência bayesiana. Os métodos MCMC constituem uma família de processos iterativos para aproximação da geração de amostras de distribuições multivariadas (FARIAS et al., 2007) sendo seu objetivo a obtenção de uma amostra das distribuições marginais *a posteriori* dos parâmetros de interesse, onde estes valores gerados são considerados amostras aleatórias de uma determinada distribuição de probabilidade, definindo, assim, o método de simulação Monte Carlo (MORAIS, 2008).

O Amostrador de Gibbs, que faz parte da classe algorítmicos de MCMC, é tido como ferramenta bastante útil na resolução de problemas envolvendo a estimação de mais de um parâmetro (REIS et al., 2008). Este é um procedimento de integração numérica utilizada na estimação das distribuições conjunta e marginal das Cadeias de Markov (BLASCO, 2001),

sendo esta uma técnica de obtenção indireta de variáveis aleatórias de uma distribuição, sem a necessidade de calcular sua densidade de probabilidade (FARIAS et al., 2007).

O Amostrador de Gibbs não requer soluções para equações de modelo misto, propicia análise de um conjunto de dados maior do que quando se utiliza REML e permite estimativas diretas e acuradas dos componentes de variância, valores genéticos e intervalos de confiança para essas estimativas, apresentando, desta forma, várias vantagens quando comparado a métodos usuais (VAN TASSEL et al., 1995).

3 MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste estudo são de búfalos da raça Mediterrânea, pertencente ao Programa de Melhoramento Genético de Bubalinos – PROMEBUL. Foram utilizados 5.169, 3.792 e 3.883 observações para pesos ao nascimento, e os demais ajustados para 205 e 365 dias de idade, respectivamente. Para estes dados foram calculados os componentes de variância, coeficientes de herdabilidade e estimadas as correlações genéticas, ambientais e fenotípicas.

As análises bivariadas foram realizadas através da utilização do software MTGSAM (Multiple Trait Gibbs Sampling in Animal Models), desenvolvido por Van Tassel e Van Vleck (1995), que é um conjunto de programas em Fortran para a estimação de componentes de covariância em modelos animais utilizando algoritmo do Amostrador de Gibbs. Deste modo obteve-se as estimativas de variância e covariância. O uso deste software é bem semelhante ao MTDFREML, que é amplamente utilizado no melhoramento animal, sendo que MTGSAM e MTDFREML compartilham vários programas e sub-rotinas (MAGNABOSCO et al. , 2001).

O modelo estatístico utilizado nas análises é demonstrado pelo seguinte modelo linear misto na forma matricial:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3p + e$$

em que,

Y = vetor de observação da característica

X = matriz de incidência de efeitos fixos

β = vetor de efeitos ambientais

Z₁ = matriz de incidência do efeito genético aditivo

a = vetor de efeito genético aditivo direto aleatório

Z₂ = matriz de incidência do efeito genético aditivo materno

m = vetor de efeito genético aditivo materno

Z₃ = matriz de incidência de efeito de ambiente permanente

P = vetor de efeitos aleatórios de ambiente permanente

e = vetor de efeito residual aleatório

Com intuito de agrupar os animais que foram submetidos a condições semelhantes, foram formados grupos contemporâneos (GC). Para tal finalidade utilizou o software SAS 2000. A correta formação dos grupos contemporâneos é um dos aspectos mais importantes de qualquer programa de melhoramento e avaliação genética (SIQUEIRA et al., 2003). As fontes de variação consideradas foram: sexo, fazenda de origem do animal, época e ano de nascimento.

Foram utilizadas quatro estações de nascimento para a formação dos grupos contemporâneos (GC): janeiro a março, abril a junho, julho a setembro e outubro a dezembro.

A densidade de Wishart descreve a distribuição de somas de quadrados e produtos para as variáveis aleatórias normalmente distribuídas e foi utilizada a distribuição invertida de Wishart como distribuição *a priori* para estimação dos componentes de co-variância, devido sua eficiência computacional, em que uma *priori* não-informativa foi assumida para todos os parâmetros analisados.

O MTGSAM utiliza o método iterativo de Gauss Seidel nas equações de modelos mistos para obter um valor inicial para os efeitos fixos e aleatórios a serem usados no Amostrador de Gibbs. O número de iteração inicial foi obtido de forma arbitrária utilizando-se uma única cadeia com 100.000 iterações, burn in de 10.000 amostras, com intervalo de salvamento colhida a cada 10 ciclos. O diagnóstico de convergência foi feito pelo método de Raftery & Lewis (1992) usando algoritmo implementado do software R, por meio do pacote BOA (Bayesian Output Analysis) (Smith, 2005).

O diagnóstico que Raftery & Lewis (1992) propõe, inclui a convergência para uma distribuição estacionária e encontra o tamanho necessário de cadeia para estimar acuradamente os quantis das funções dos parâmetros (BARBOSA et al., 2008)

A estatística descritiva (média, moda, mediana e desvio padrão) da distribuição *a posteriori* para cada parâmetro foi obtida a partir de amostras eficazes. A região do intervalo de alta densidade (IPD), ou intervalo de confiança, fornece o intervalo que inclui 95% das amostras e é uma medida de confiabilidade. O IPD pode também ser aplicada a não-simétrica distribuições (Hyndman, 1996).

Utilizou um estimador Kernel para gerar as descrições gráficas das distribuições *a posteriore e estimativa da moda*. Para tal, foi empregado o software SAS 2000. O estimador Kernel tem a forma:

$$f_{\lambda}(\hat{y}) = 1/(n \lambda) \left[\sum_{i=1}^n K_0(\frac{\bar{x} - x_i}{\lambda}) / \lambda \right]$$

em que,

K_0 é a função Kernel, λ é a largura da banda, ou seja, o parâmetro de alisamento dos dados e x_1, x_2, \dots, x_n , são as variáveis aleatórias contínuas. A função de densidade normal padronizada, geralmente utilizada como função Kernel, é $K(t) = 1/\sqrt{2\pi} \exp(-t^2/2)$; para $-\infty < t < \infty$. Pode-se selecionar uma largura de banda para cada estimador função Kernel, é $K(t) = 1/\sqrt{2\pi} \exp(-t^2/2)$, para $-\infty < t < \infty$. Pode-se selecionar uma largura de banda para cada estimador kernel, por especificar c na fórmula $\lambda = cQn^{-1/5}$, em que Q é o intervalo interquartil (Q3 – Q1) da variável y e c , uma constante específica. A discrepância entre o estimador pela função Kernel é a densidade verdadeira, $f(x)$, pode ser quantificada pela curva do quadrado médio do erro integrado aproximado (AMISE), dado por $AMISE(\lambda) = (1/4) \lambda^4 (\int t^2 K(t) dt)^2 \int x (f''(x))^2 dx + 1/n \lambda \int K(t)^2 dt$, sendo o parâmetro de alisamento (λ) ótimo aquele que minimiza a AMISE.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias observadas para as medidas de peso foram: $37,6 \pm 4,7$ kg para peso ao nascimento (PN); $192,7 \pm 40,3$ kg para peso aos 205 dias de idade (P205); e $298,6 \pm 67,4$ kg para peso aos 365 dias de idade (P365). Pacola et al. (1978), observaram em bubalinos Mediterrâneo peso de 44,6 kg (PN) e 155,3 kg (P205). Nogueira et al. (1989) encontraram peso de 301,3kg (P365) para búfalos Mediterrâneo.

Relacionando búfalos e zebuínos, em condições de clima tropical, Ramos et al. (2004), obteve dados das duas espécies com pesos de 210,1 kg, 387,64 kg para búfalos e 162,13 kg e 266,72 kg para zebuínos, sendo P205 e P365, respectivamente. As vantagens no ganho de peso dos búfalos possuem relação com a melhor eficiência na conversão de alimentos de baixo valor nutricional quando comparado aos bovinos (CAMARÃO, 1997). Quando comparada a conversão alimentar entre búfalos e zebuínos, Villares et al. (1979), verificou a seguinte conversão: 6,34 kg de alimento seco/kg de ganho de peso para o Jafarabadi e 8,13 kg de alimento seco/kg de ganho de peso para o Nelore, mostrando maior eficiência de conversão alimentar. Valores de ganho médio de peso/dia de 0,802 kg para Nelore e 1,011 para búfalos (VELLOSO et al. 1994) reforçam a idéia de ótimo desempenho na produção de carne desta espécie.

As médias, medianas e modas das estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos das três características de crescimento foram próximas (Tabela 1). De acordo com Carlin & Louis (2000), o esperado são valores similares para uma densidade marginal *a posteriori* que segue distribuição normal. Segundo Wright et al. (2000), a moda é a mais aconselhável medida de posição das distribuições *a posteriori*, e busca os valores de maiores frequências (máximo da distribuição).

Tabela 1. Médias, desvio padrão (DP), mediana, moda e intervalo de densidade de alta densidade dos parâmetros genéticos para características peso ao nascimento (PN), peso aos 205 (P205) e 365 (P365) dias de idade de bubalinos da raça Mediterrânea.

Característica	Parâmetros	Média	DP	Mediana	Moda	Intervalo de alta densidade	
						Limite inferior	Limite superior
PN	σ^2_a	2,13	0,61	2,09	2,05	0,93	3,27
	σ^2_m	2,10	0,54	2,09	2,09	1,04	3,16
	σ^2_{pe}	0,23	0,19	0,19	0,06	0,01	0,63
	σ^2_p	6,81	0,24	6,80	6,77	6,33	7,28
	h^2	0,31	0,08	0,30	0,30	0,16	0,48
	h^2_m	0,30	0,07	0,30	0,31	0,16	0,45
	r_{am}	-0,71	0,10	-0,73	-0,75	-0,91	-0,51
P205	σ^2_a	619,56	151,15	607,76	609,21	339,51	915,74
	σ^2_m	234,65	60,36	239,95	232,57	112,82	354,61
	σ^2_{pe}	32,71	24,34	28,79	22,02	0,02	77,71
	σ^2_e	293,84	78,49	299,53	306,79	140,92	439,00
	σ^2_p	1180,78	117,11	1170,48	1162,09	962,53	1407,23
	h^2	0,51	0,08	0,51	0,52	0,35	0,68
	h^2_m	0,19	0,03	0,19	0,19	0,12	0,27
P365	r_{am}	-0,61	0,10	-0,62	-0,64	-0,80	-0,38
	σ^2_a	1449,48	390,45	1424,10	1379,22	891,22	2055,11
	σ^2_m	577,37	141,44	569,11	567,59	325,14	863,88
	σ^2_{pe}	29,26	25,05	22,63	7,70	0,38	80,23
	σ^2_e	577,54	159,52	589,31	602,42	249,56	868,11
	σ^2_p	2633,66	270,14	2608,93	2551,27	2145,76	3174,63
	h^2	0,54	0,06	0,54	0,54	0,40	0,67
h^2_m	0,21	0,03	0,21	0,21	0,14	0,28	
	r_{am}	-0,80	0,06	-0,81	-0,83	-0,92	-0,68

⁽¹⁾ σ^2_a é a variância genética aditiva direta; σ^2_m é a variância genética aditiva materna; σ^2_{pe} é a variância de ambiente permanente; σ^2_e é a variância residual; σ^2_p é a variância fenotípica; h^2 é a herdabilidade direta; h^2_m é a herdabilidade materna; r_{am} é a correlação genética aditiva direto-materna.

Os coeficientes de herdabilidades para o PN foram 0,30 e 0,31 para o efeito direto e materno, respectivamente. Valores de herdabilidade direta variando entre 0,10 a 0,62 foram reportados em bubalinos (BALIEIRO et al., 1996, YADAV et al., 2001). A alta variabilidade pode ser consequência, dentre outros fatores, da imprecisão da mensuração da característica. As estimativas das herdabilidades direta e materna para o nascimento de búfalos foram maiores do que relatado por THIRUVENKADAN et al. (2009), em estudo de búfalos Murrah, que obtiveram valores de 0,12 e 0,11, respectivamente.

Em trabalho com búfalos mestiços, Pereira et al. (2008), utilizando REML, obtiveram herdabilidade estimada em $0,60 \pm 0,12$, sendo este considerado um valor de alta variabilidade genética quando comparado a outros valores desta característica descritos na literatura. Devido as estas variações, Cassiano et al. (2004), sugerem a necessidade de se desenvolver mais estudos a respeito desta característica, sob o ponto de vista do manejo e genético.

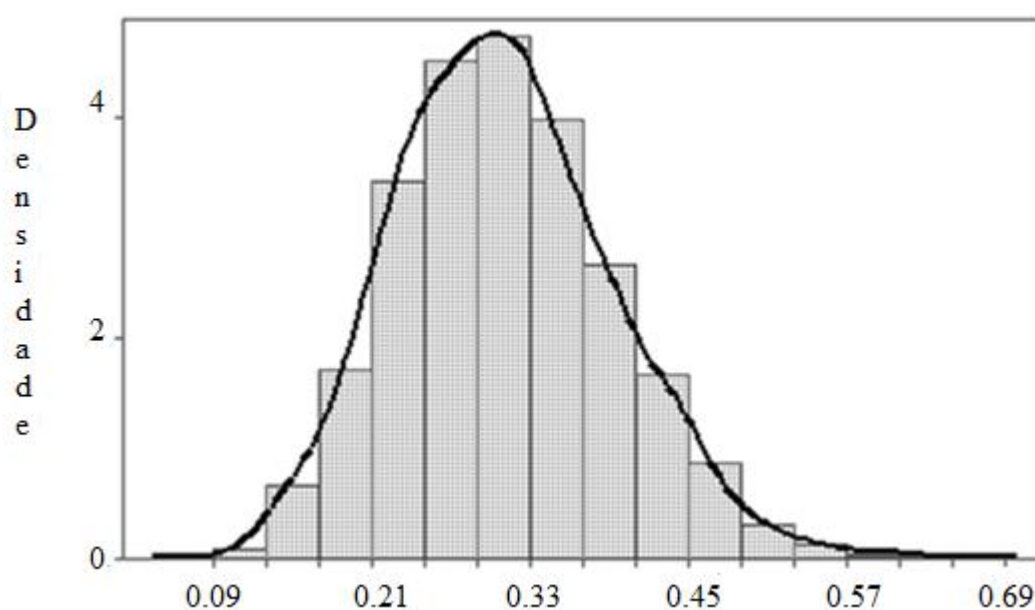


Figura 1. A distribuição *posteriori* da herdabilidade direta para PN estimada por inferência bayesiana.

O valor da herdabilidade para PN indica bons ganhos na seleção direta desta característica. Willham (1980) relata que o efeito materno é um dos que contribuem para o valor fenotípico de um indivíduo por parte de sua mãe e deve ser considerado na avaliação genética dos animais, principalmente na fase pré-desmama. Quando considerada a herdabilidade materna (Figura 2), o valor superou um pouco o da herdabilidade direta, 0,31 e 0,30, respectivamente. Valor similar (0,29) foi encontrado por Sarmiento et al., (2003), para animais da raça Nelore, com o valor de herdabilidade materna maior que a direta.

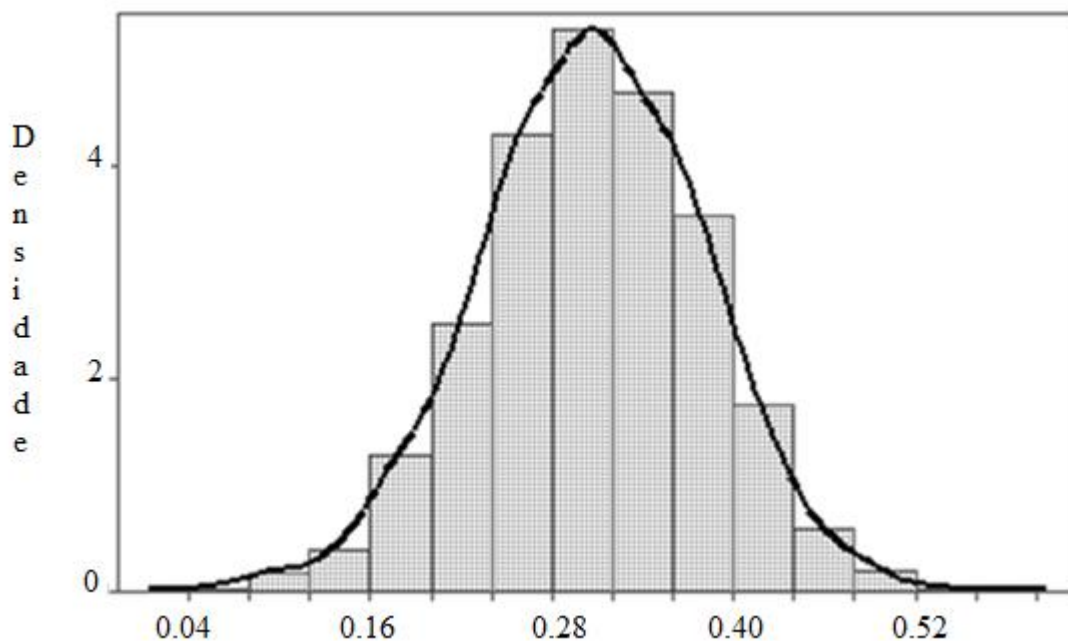


Figura 2. A distribuição *posteriori* da herdabilidade materna para PN estimada por inferência bayesiana.

Para o P205 os valores média, mediana e moda da herdabilidade direta foram 0,51; 0,52 e 0,52(Tabela 1 e Figura 3). Malhado et al. (2012), observaram valores próximos para a mesma característica em búfalos da raça Jafarabadi, sendo estes valores 0,40; 0,41 e 0,43; respectivamente. Lôbo et al. (2000), ao revisar 78 trabalhos sobre bovinos observaram média de 0,30 para herdabilidade direta aos 205 dias de idade.

Quando considerada a herdabilidade direta da característica de P365, os valores encontrados foram 0,55; 0,54; e 0,54 para média, mediana e moda, respectivamente (Tabela 1 e Figura 4). Malhado et al., (2012), em estudo com búfalos Jafarabadi, utilizando bayesiana, encontraram valores de média, mediana e moda semelhantes, sendo, 0,46; 0,46 e 0,48. Malhado et al., (2004), em estudo de búfalos Mediterrâneo, utilizando REML, relataram valores próximos para o coeficiente de herdabilidade direta, sendo este 0,41. Giannotti et al., (2005), constataram média 0,37 para bovinos aos 365 dias de idade.

Os valores observados dos coeficientes de herdabilidades, para os efeitos diretos, estimados para as duas características são altos e indicam alta variabilidade genética aditiva direta, evidenciando a oportunidade de ganho genético com a seleção.

As correlações genéticas entre os efeitos aditivos direto e materno foram iguais a -0,64 (P205) e -0,83(P365) (Tabela 1). Ferraz Filho et al., (2002), observaram valores também negativos para estas correlações de P205 e P365 em bovinos da raça Tabapuã, sendo -0,42(P205) e -0,20(P365).

Estes valores encontrados neste estudo indicam a existência de antagonismo entre estes efeitos, principalmente para P365. Desta forma, a seleção para melhorar os efeitos aditivos diretos deve resultar em piora nos efeitos aditivos maternos, e a seleção para qualquer um deles não deve ser efetiva.

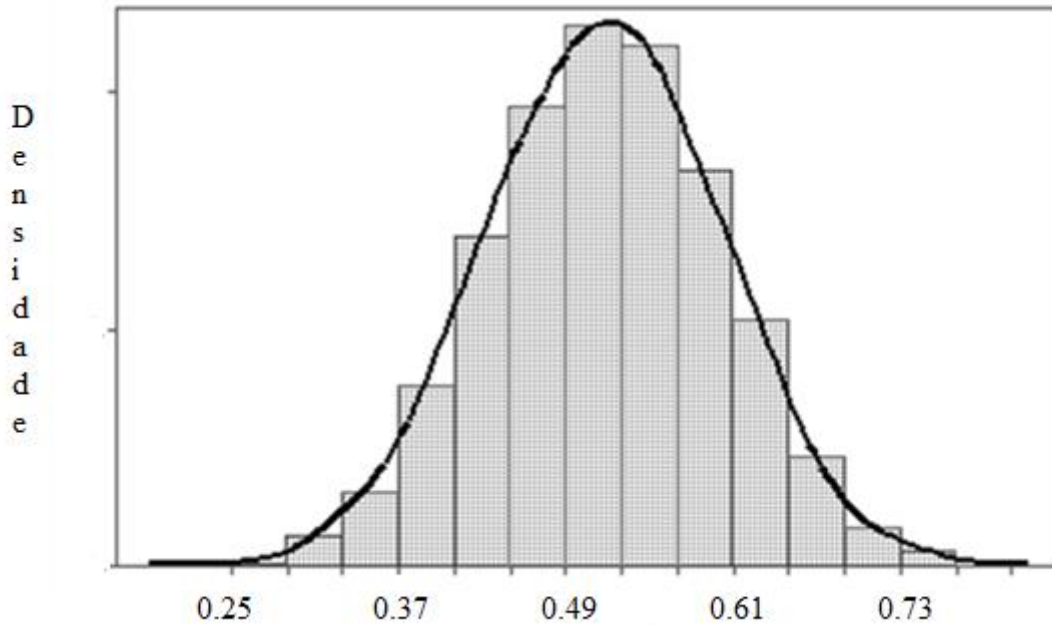


Figura 3. A distribuição *posteriori* da herdabilidade direta para P205 estimada por inferência bayesiana.

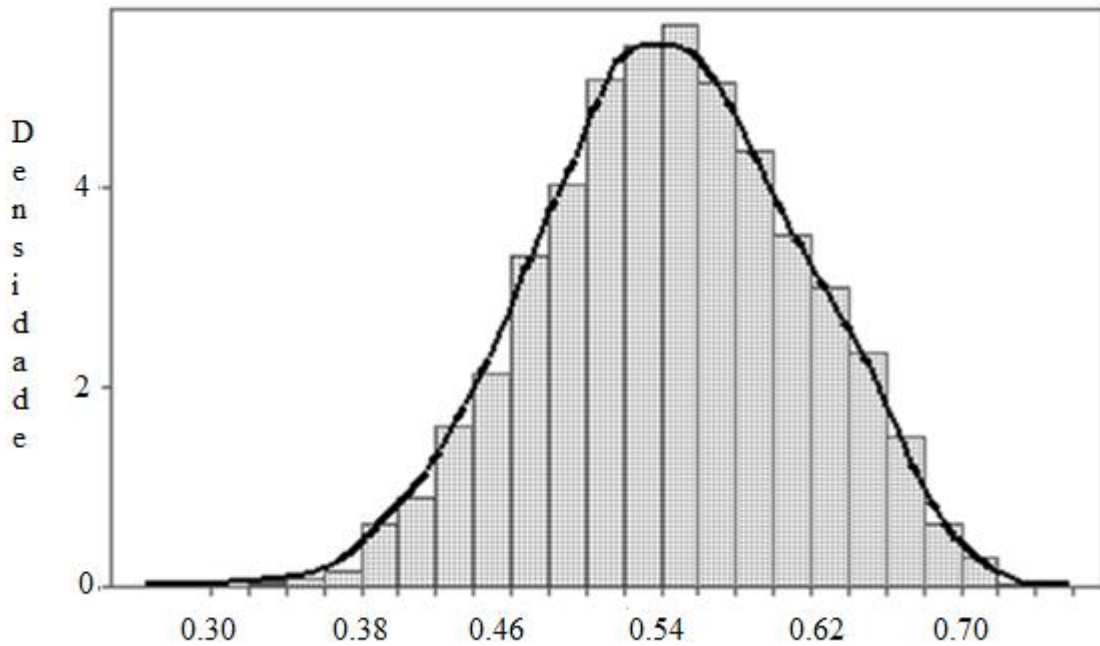


Figura 4. A distribuição *posteriori* da herdabilidade direta para P365 estimada por inferência bayesiana.

Para herdabilidade materna os valores de média, mediana e moda foram 0,20; 0,20; 0,20; para P205 (Figura 5) e 0,22; 0,22; e 0,22; para P365(figura 6), respectivamente.

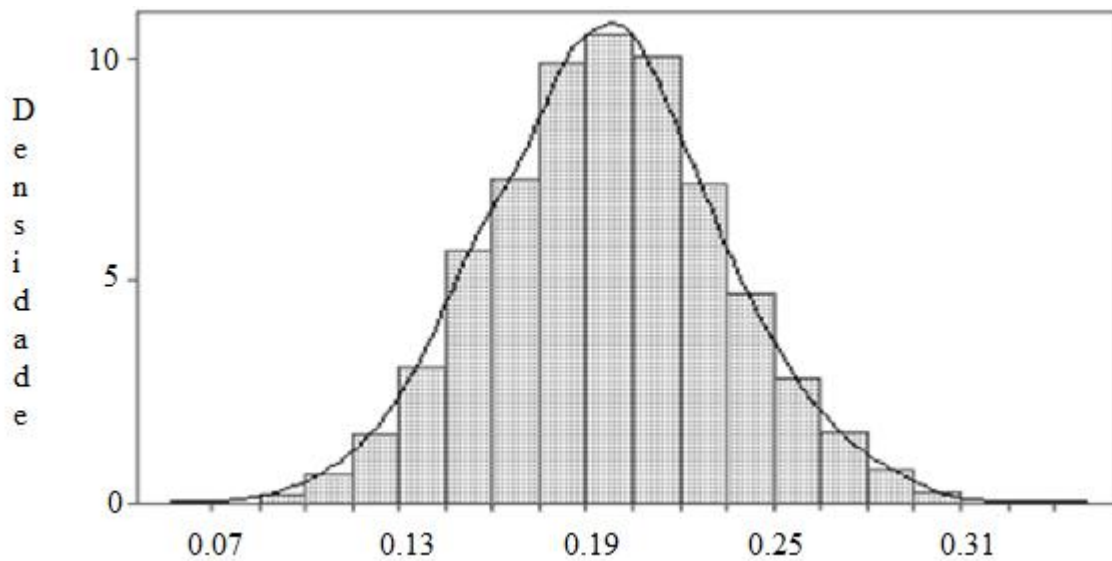


Figura 5. A distribuição *posteriori* da herdabilidade materna para P205 estimada por inferência bayesiana.

Em estudo semelhante, tratando de bovinos, Willham (1972) afirmou que a habilidade materna, em bovinos de corte, estaria relacionada diretamente à produção de leite da vaca, o que traria reflexos no desempenho do bezerro, principalmente à desmama, embora tenha registrado contribuição do efeito materno também para o peso ao nascer, indicando que outros fatores são importantes na determinação do efeito materno.

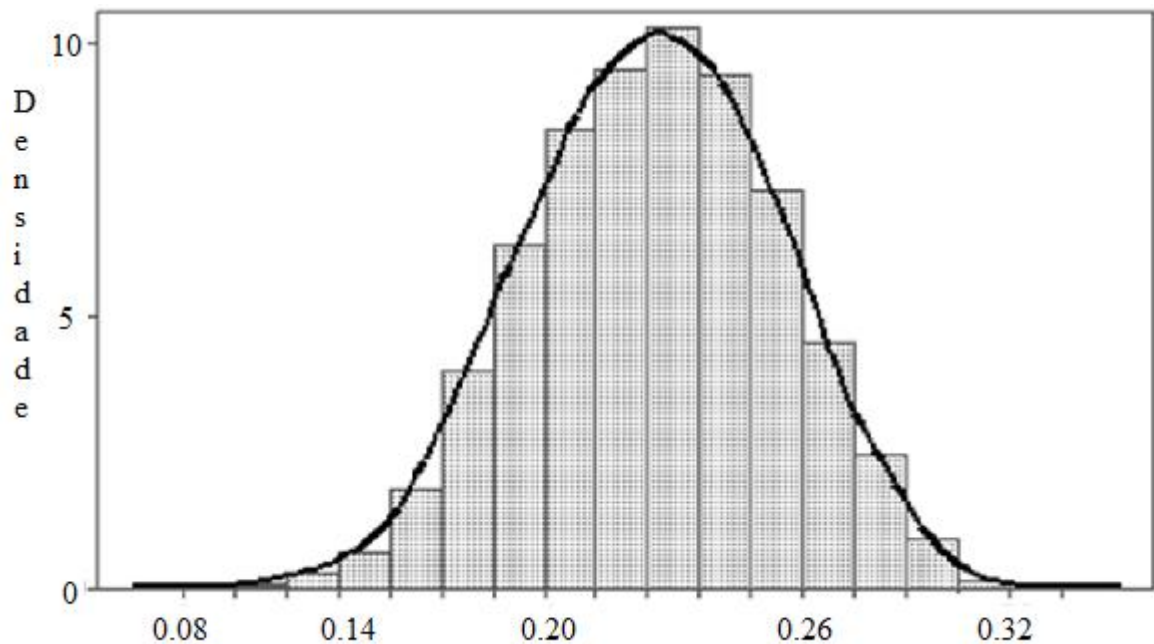


Figura 6. A distribuição *posteriori* da herdabilidade materna para P365 estimada por inferência bayesiana.

Em estudo utilizando búfalos Mediterrâneo, Malhado et al. (2004) apresentaram valores bem semelhantes para o coeficiente de herdabilidade materno, sendo 0,05 e 0,05, para P205 e P365, respectivamente. Estes valores são bem inferiores quando comparados a herdabilidade materna para PN, sendo esta uma redução esperada.

As correlações genéticas, ambientais e fenotípicas entre as pesagens PN, P205 e P365 são apresentadas na Tabela 2.

Tabela 2. Correlações genéticas, ambientais e fenotípicas com PN e P205, PN e P365, P205 e P365.

Característica	Correlação	Média	Desvio Padrão	Mediana	Moda	Intervalo de alta densidade	
						Limite inferior	Limite superior
PN-P205	Genética	0,36	0,11	0,36	0,34	0,15	0,59
	Ambiental	0,01	0,05	0,01	0,01	-0,09	0,10
	Fenotípica	0,13	0,02	0,13	0,12	0,08	0,17
PN-P365	Genética	0,23	0,11	0,23	0,25	-6,87	0,45
	Ambiental	0,05	0,04	0,05	0,05	-3,28	0,15
	Fenotípica	0,11	0,02	0,11	0,11	6,61	0,15
P205-P365	Genética	0,74	0,04	0,74	0,74	0,65	0,82
	Ambiental	0,67	0,03	0,67	0,67	0,60	0,73
	Fenotípica	0,71	0,01	0,71	0,72	0,68	0,75

Observou-se que para PN o valor da moda apresentou baixa correlação ambiental, fenotípica e genética, expressando assim ausência de correlação. Os valores para correlações genéticas, ambientais e fenotípicas foram: 0,34; 0,01; 0,12; respectivamente para PN-P205. Os valores descritos para búfalos por Malhado et al., (2008), para correlação genética, fenotípica e ambiental, foram de 0,21; 0,09; 0,08, respectivamente.

As correlações genéticas, ambientais e fenotípicas entre PN e P365, apresentaram os valores de 0,25; 0,05; 0,11, respectivamente. Malhado et al., (2008), apresentaram valores similares para as correlações genética, fenotípica e ambiental, obtendo valores de 0,15; 0,10; 0,08, respectivamente entre PN e P365.

Em outro estudo com búfalos da raça Mediterrâneo, Malhado et al., (2004), relataram ausência de correlação entre PN com P205 e P365. Em revisão de diversos trabalhos em bovinos nas regiões tropicas, Lôbo et al., (2000), observaram correlações fenotípicas médias 0,29 e 0,21; correlações genéticas médias 0,51 e 0,48; do peso ao nascimento com P205 e P365, respectivamente.

Em estudo com Nelore Mocho, Santos et al., (2005), apresentaram valores para as correlações genéticas de peso 0,08 e 0,00, correlações fenotípicas de 0,09 e 0,05, e correlações ambientais de 0,12 e 0,11, para P205 e P365, respectivamente. Segundo Ferraz Filho (1996), as baixas correlações de ambiente indicam pequena associação genética e/ou ambiental entre o peso ao nascimento e às idades superiores.

É notória a baixa associação do peso ao nascimento com as demais características. Segundo Malhado et al. (2004), o peso ao nascer apresenta uma distribuição com marcada discrepância na distribuição normal, haja visto que, na prática, os recém-nascidos são pesados em balanças irregularmente instaladas, ou até mesmo em balanças de varas, com alto risco de imprecisão nas mensurações, o que as vezes gera o registro de peso de modo subjetivo, que ocasiona no comprometimento da distribuição de dados, ocasionando surgimento de viés. Assim, as análises estatísticas e/ou genéticas envolvendo PN podem ser prejudicadas pela qualidade da pesagem e conseqüentemente pela distribuição irregular da característica (SANTOS et al, 2005).

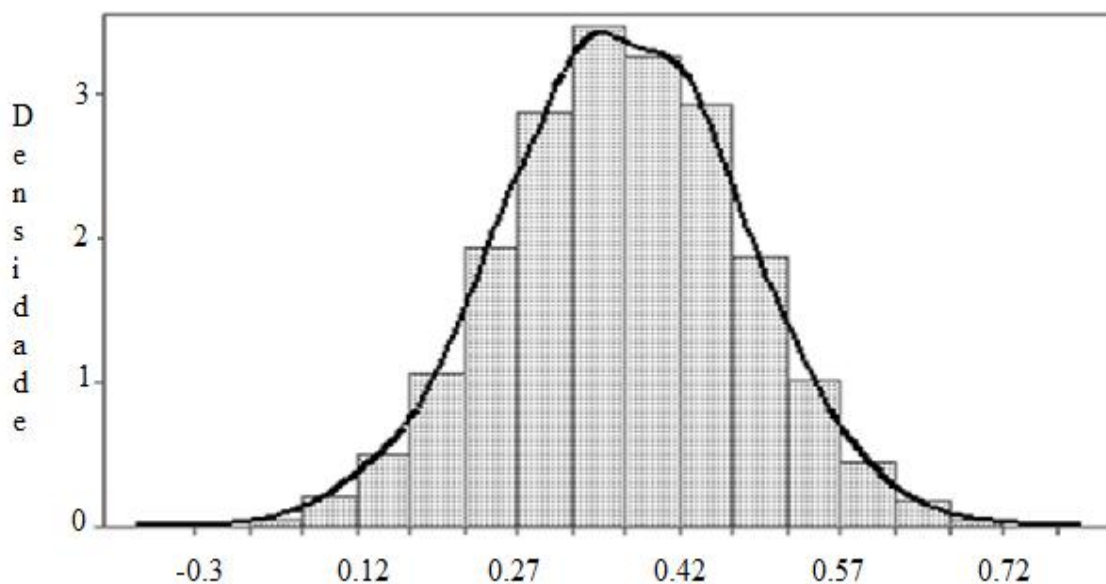


Figura 7. PN e P205 – Correlação Genética

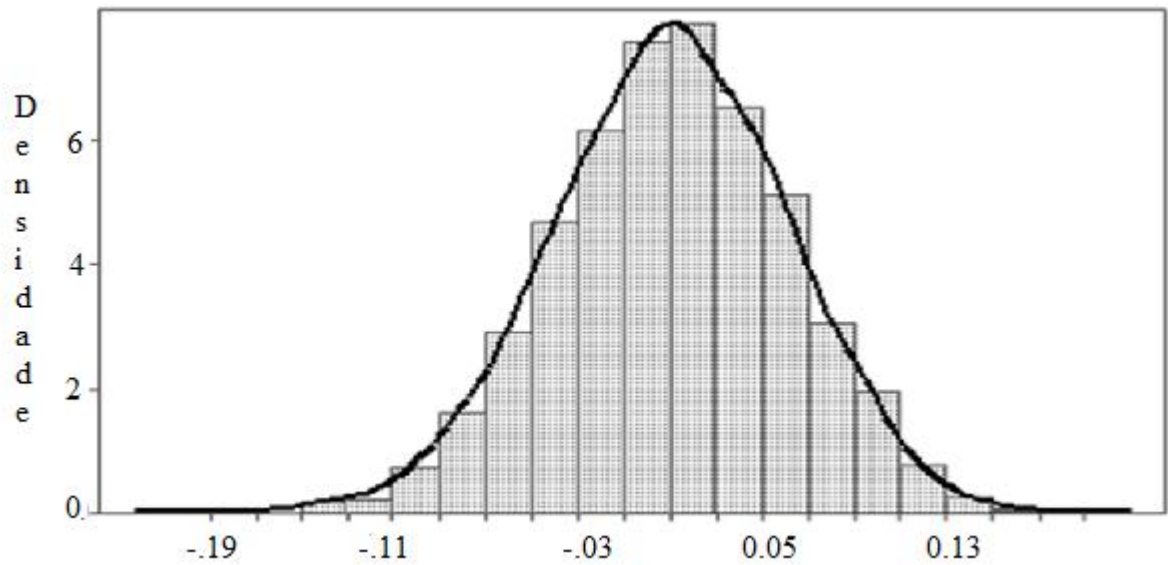


Figura 8. PN e P205 – Correlação ambiental

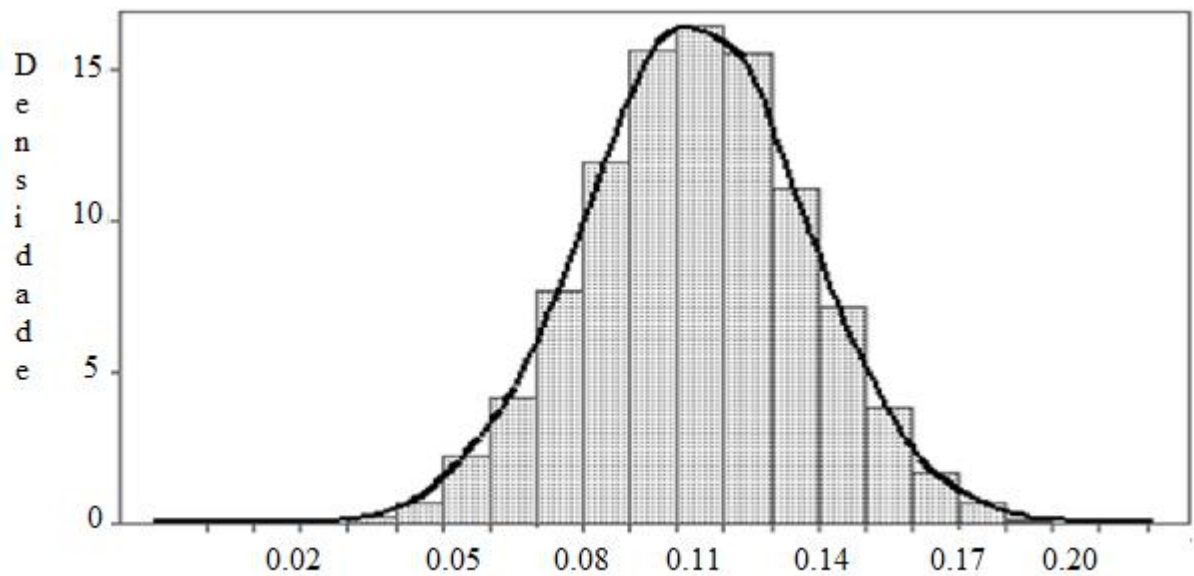


Figura 9. PN e P205 Correlação fenotípica

A correlação ambiental estimada entre P205 e PN foi muito baixa, aproximadamente 0,01. Toral et al. (2007) observam que quando a estação de nascimento ocorre no início da estação das águas, os bezerros tendem a nascer mais leves, e por disporem de boas pastagens com maior disponibilidade de forragem, apresentam crescimento compensatório, pois dispõem de boas condições ambientais para se desenvolverem. Entretanto, quando o nascimento ocorre no final da estação chuvosa, os bezerros nascem mais pesados, porém,

como serão desmamados após período de baixa disponibilidade de forragem, ou seja, em piores condições, tem assim seu desenvolvimento comprometido pelas condições oferecidas.

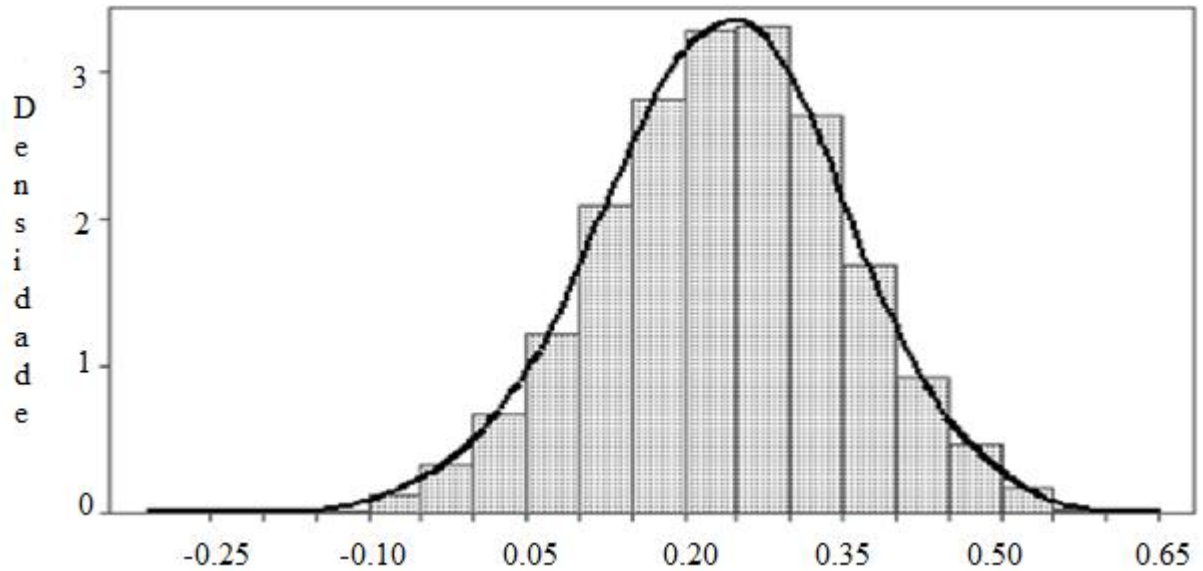


Figura 10. PN e P365 – Correlação genética

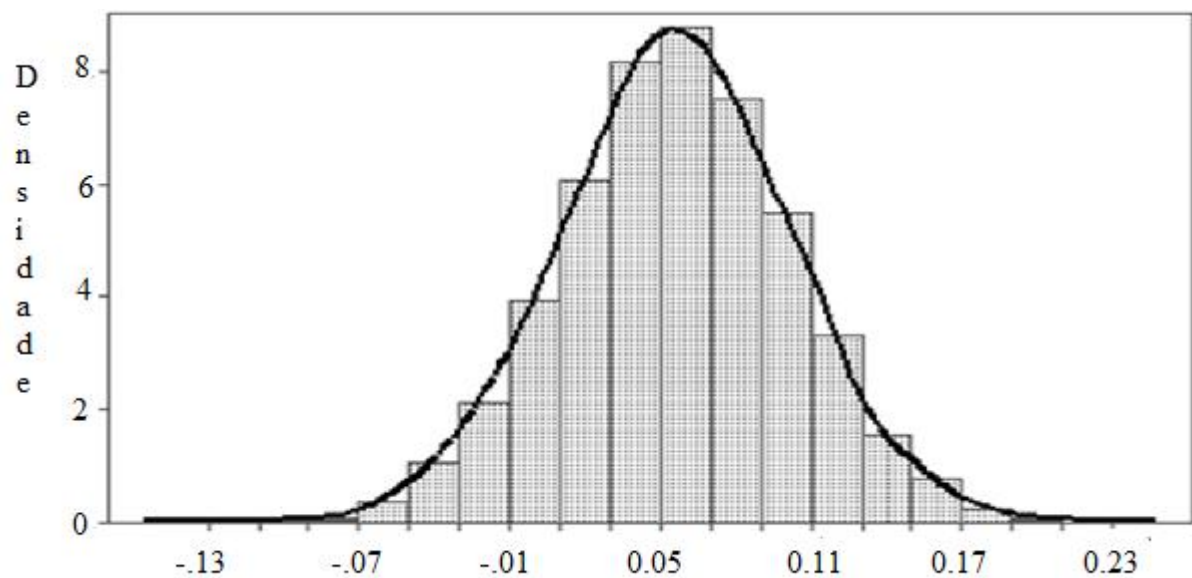


Figura 11. PN e P365 – Correlação ambiental

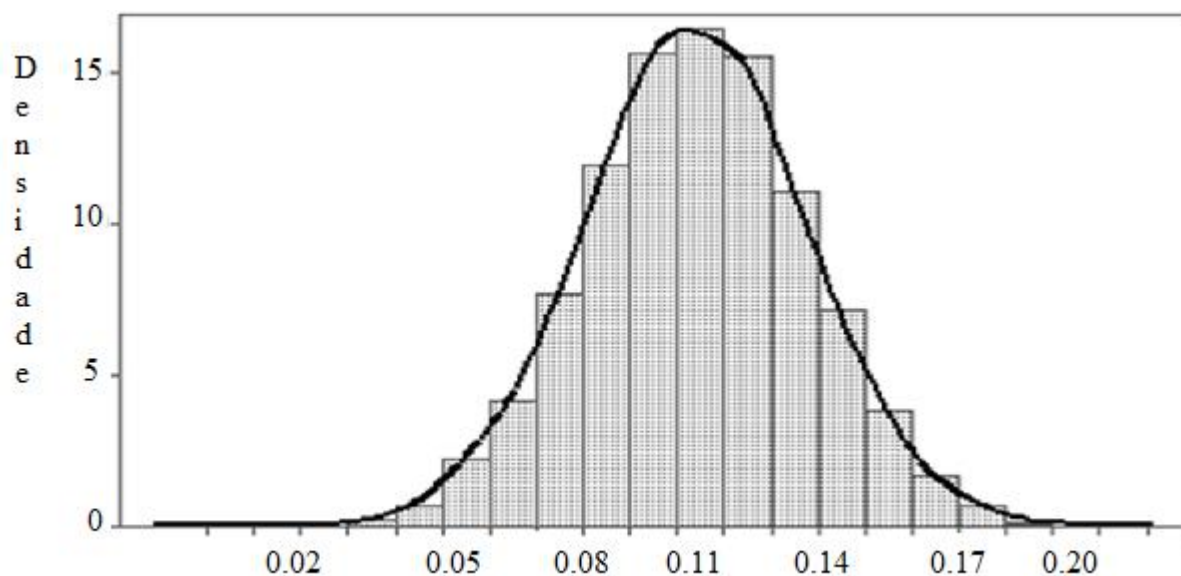


Figura 12. PN e P365 – Correlação Fenotípica

Melis et al. (2001), obtiveram valores para as correlações genéticas entre PN e P205 de 0,61. Silva (1990) e Silveira et al. (2000), apresentaram valores de 0,62 e 0,61, respectivamente, para a mesma correlação. Estes pesquisadores obtiveram estes resultados com animais da raça Nelore. Relatos de Denise et al. (1983), apontaram que a correlação genética entre o peso ao nascimento e a desmama poderá aumentar devido a condições nutricionais ruins dos animais.

As demais correlações estudadas, entre P205 e P365, apresentaram média a alta magnitude, mostrando que grande parte dos genes que atuam no P205 atua também no P365. Os valores da correlação genética, ambiental e fenotípica foram 0,74; 0,67; 0,72; respectivamente. Dados de Malhado et al. (2008) foram semelhantes para búfalos com as mesmas idades sendo, 0,90; 0,72; e 0,80; para correlações genéticas, ambientais e fenotípicas, respectivamente. Resultados semelhantes foram apresentados nos zebuínos por Malhado et al. (2002), Ferraz Filho et al. (2002) e Santos et al. (2005).

Os altos valores obtidos na correlação genética entre P205 e P365, indicam que a seleção para animais mais pesados a desmama poderá resultar em animais com pesos superiores posteriormente (MALHADO et al.,2002).

As correlações ambientais estimadas, entre P205 e P365, são de alta magnitude, e apontam que os efeitos de meio favoráveis ao peso a desmama também contribuem para maiores pesos aos 12 meses.

Para as avaliações entre P205 e P365 as correlações fenotípicas foram inferiores em magnitude quando comparada as genotípicas. Searle (1961) demonstrou que as correlações fenotípicas podem ser menores que as genéticas, desde que associadas às correlações ambientais baixas e positivas, quando os genes que controlam duas características quaisquer são similares.

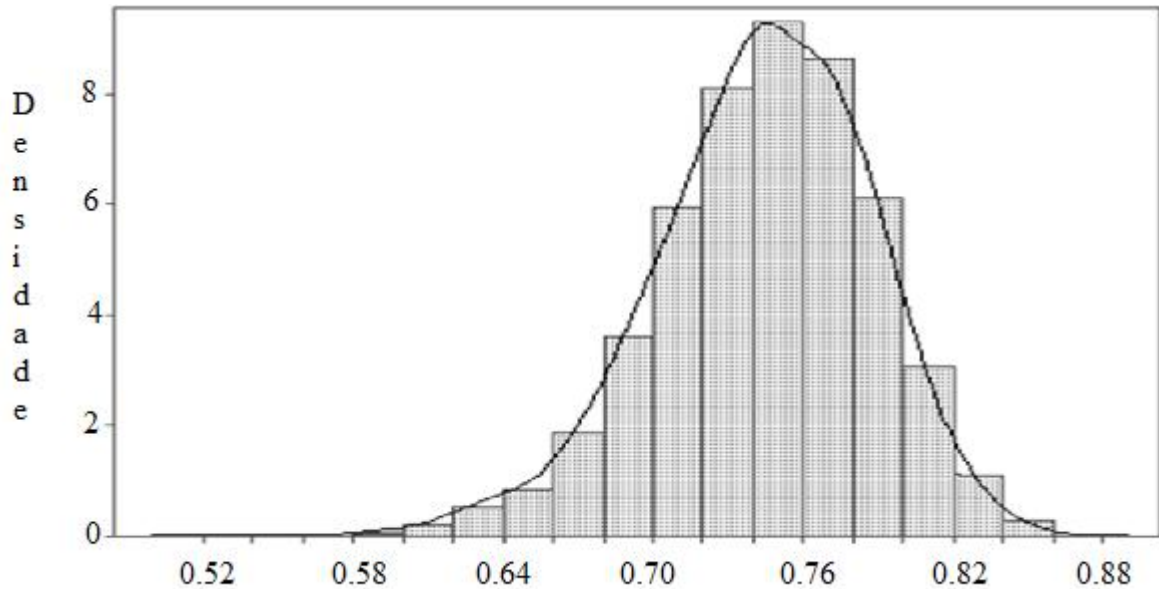


Figura 13. P205 e P365 – Correlação genética

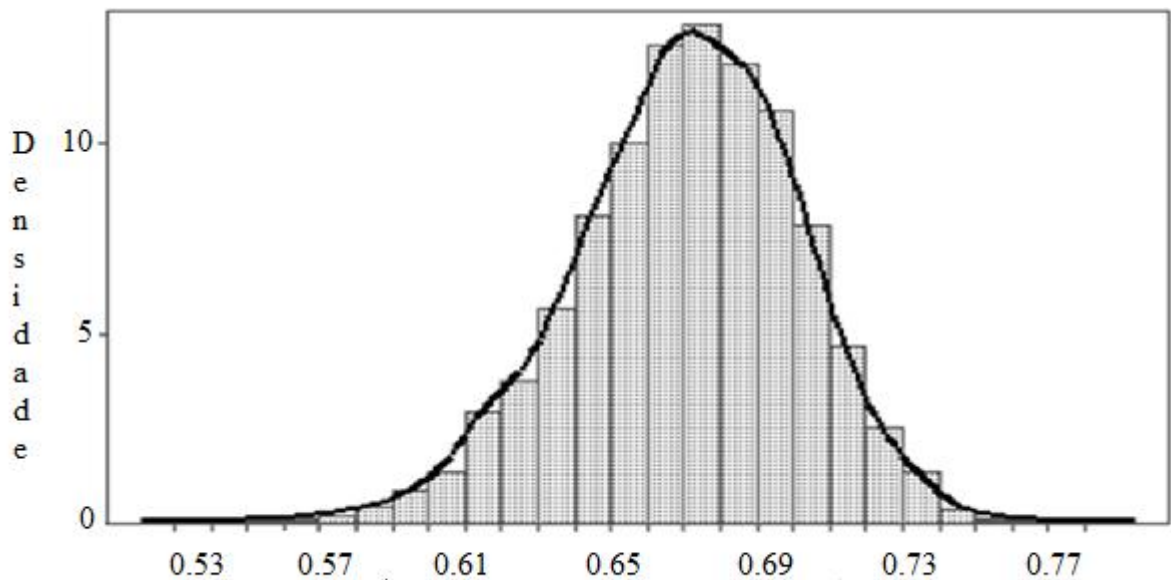


Figura 14. P205 e P365 – Correlação Ambiental

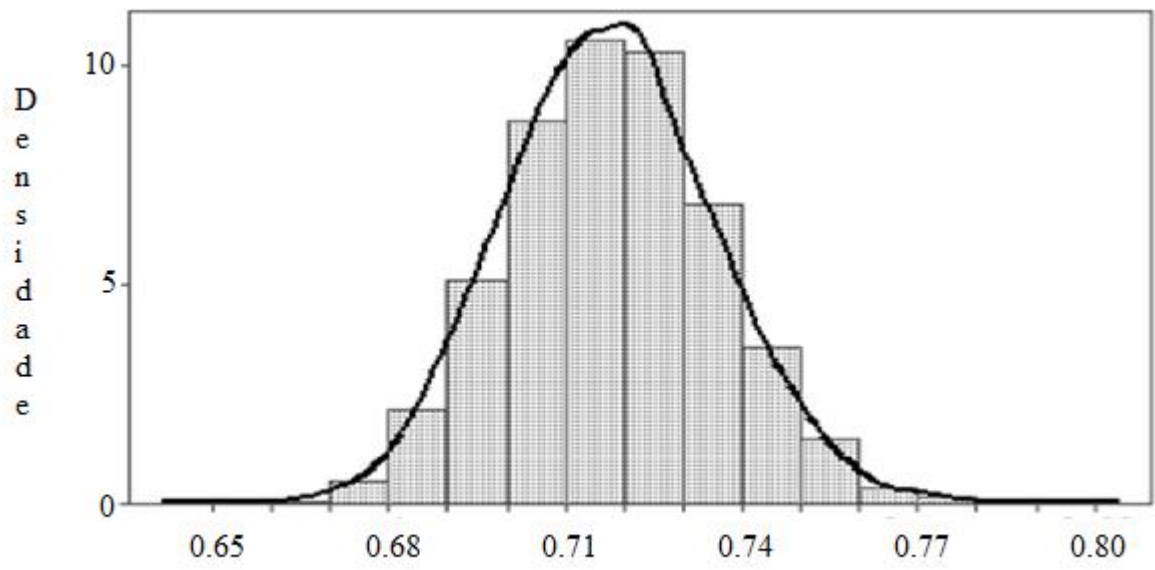


Figura 15. P205 e P365 – Correlação fenotípica

5 CONCLUSÃO

A característica de PN possui baixas associações genéticas, ambientais e fenotípicas com P205 e P365. Uma das causas apontadas para isso é a baixa qualidade das informações obtidas para esta característica.

Os pesos tomados aos 205 e 365 dias de idade constituem características com altas correlações genéticas entre si, o que permite a utilização de qualquer uma das duas em um programa de seleção.

Os altos valores da herdabilidade de P205 e P365 também indicam possibilidade de ganho genético e antecipação de seleção para os 205 dias de idade.

6 REFERÊNCIAS

BALIEIRO, E.S.; BALIEIRO, J.C.C.; VALENTE, J. Fatores de meio e herança como causas de variação no peso ao nascimento de bubalinos (*Bubalus bubalis*). In: REUNIÃO ANUAL DA SBZ, 33, 1996..**Anais...** Fortaleza, CE: SBZ 1996, v.1, p.296-297.

BARBOSA, L.; LOPES, P. S.; REGAZZI, A.J.; et al. **Estimação de parâmetros genéticos em suínos usando Amostrador de Gibbs**. R.Bras.Zootec., v.37, n.7, p 1200-1206, 2008.

BITTENCOURT, T.C.C.; ROCHA, J.C.M.C.; LÔBO, R.B. et al. Estimação de componentes de (co)variância e predição de DEP's para características de crescimento pós desmama de bovinos da raça Nelore, usando diferentes modelos estatísticos. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v.54, n.3, 2002.

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

BRASIL. **Ministério da Agricultura. Rebanho bubalino brasileiro - Efetivo por Estado**. 2005. Disponível em www.agricultura.gov.br. Acesso em 14/10/2011.

CAIRES, D. N. **A raça Tabapuã no Nordeste do Brasil: estrutura populacional e progresso genético**. 2010, 53f. Dissertação (Mestrado) Itapetinga, BA: UESB, 2010.

CAMARÃO, A. P., **Water Buffalo Production Based on the Main Pastures of the Brazilian Amazon Region**. Buffalo Journal. 1997 3: 223-248.

CAMPOS, B.E.S.; RAZOOK, A.G.; PACKER, IH. et al. Fatores genéticos e ambientais que afetam o peso ao nascer e a desmama de bezerros Suíço x Guzerá. **Boletim de Indústria Animal**, Nova Odessa, v.43, n2, p. 197-207, 1986.

CARDOSO,F.F., CARDELINO, R.A., CAMPOS, L.T., Componentes de (co) variância e parâmetros genéticos de caracteres pós-desmama em bovinos da raça Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia** Viçosa, v.33, n.2, p.313-19, 2004.

CARLIN, B.P.; LOUIS, T.A. **Bayes and empirical bayes methods for data analysis**. 2.ed. London: Chapman and Hall, 2000. 419p.

CASSIANO, L.A.P., MARIANTE, A. S.,MCMANUS, C., et al. Parâmetros genéticos das características produtivas e reprodutivas de búfalos da Amazônia brasileira. **Pesq. Agrop. Bras.**, Brasília, v.39, n.5, p 451-457, maio 2004

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

DENISE, R.S.K., BRINKS, J.S.,RICHARDSON, G.V., et al. Relationships among the growth curve parameters and selected productivity traits in beef cows. **Journal of Animal Science**, v.57, n.1 (Supplement), p.149, 1983.

DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G.; TONHATI, H.; et al. Estimação de parâmetros genéticos para peso em diferentes idades para animais da raça Tabapuã. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.6, p.1914-1919, 2005.

EUCLIDES FILHO, K. **Melhoramento genético animal no Brasil: fundamentos, história e importância**, 2000. Embrapa – CNPGC. Disponível em : <http://www.cnpqc.embrapa.br/publicacoes/doc/doc75/index.html> Acesso em 19/12/2011.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4° ed. New York: Longman, 1996, 464 p.

FAO. **Food and Agriculture Organization**. Data Base 2010. Disponível em <http://faostat.fao.org/faostat/collections>. Acesso em 14/10/2011.

FARIA, C.U.,MAGNABOSCO, C.U., REYES,A. de L., et al. Inferência Bayesiana e sua aplicação na avaliação genética de bovinos da raça Nelore: revisão bibliográfica. **Ciência Animal Brasileira**, v.8, n.1, p. 75-86, jan/mar, 2007.

FERRAZ FILHO, P.B. **Análise e tendência genética de pesos em bovinos da raça Nelore mocha no Brasil**. Jaboticabal, 1996. 163f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Estadual Paulista.

FERRAZ FILHO, P.B.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C.; et al. Tendência genética dos efeitos direto e materno sobre os pesos a desmama de bovinos da raça Tabapuã no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.2, p.635-640, 2002.

GALDINO, V.M.C.A.; NASCIMENTO, M.R.B.M. ; SIMIONI, V.M. **Características produtivas e reprodutivas de um rebanho nelore**. Horizonte Científico, v. 1, p. 1-7, 2007.

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

GIANOLA, D.; RODRIGUES-ZAZ, S.; SHOOK, G.E. The Gibbs sampler in the animal model: a primer. In: Foulley JL and Molenat M (eds). **Séminaire Modèle Animal**. I'Institut National de la Recherche Agronomique, Departament de Genetique Animale, France, p.47-56, 1994.

HYNDMAN, R.J. **Computing and graphing highest density regions**. American Stat 50, 120–126, 1996.

IBGE. **Diretoria de Pesquisas, Coordenação e Agropecuária**, Pesquisa da Pecuária Municipal 2005. Disponível em www.ibge.gov.br. Acesso em 25/10/2011.

KOOTS, K.R.;GIBSON, J.P.; SMITH,C. et al. Analysis of published genetic parameters estimates for beef productions trait. 1 – Heritability. **Animal Breeding Abstracts**. V.62, n.5, p.309-338, 1994.

LÔBO, R.N.B., MADALENA, F.E., VIEIRA, A.R., Average estimates of genetic parameters for beef and dairy cattle in tropical regions. **Animal Breeding Abstracts**, v.68, p.433-462, 2000.

- MAGNABOSCO, C.U.; FARIA, C.U.; BORJAS, A.R.; et al. **Implementação Amostragem de Gibbs para estimação dos componentes de (co) variância e parâmetros genéticos em dados de campo de bovinos Nelore**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2001. 50p. (Documentos/ Embrapa Cerrado).
- MALHADO, C.H.M., SOUZA, J.C., SILVA, L.O.C., et al. Correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente entre pesos de varias idades de bovinos da raça Guzerá no Estado de São Paulo. **Archives of Veterinary Science**, v.7,n.1,p.71-75, 2002.
- MALHADO, C.H.M.;CARNEIRO, P.L.S.; RAMOS, A.A.; et al. Análise da distribuição de pesagens em diferentes idades de bubalinos da raça Mediterrânea. **Revista Científica de Produção Animal**, v.6, n.2, 2004.
- MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S.; et al. Distribuição univariada e bivariada das características de crescimento de bubalinos de corte no Brasil. **Revista Científica de Produção Animal**, v.10, n.1,p 69-80, 2008.
- MALHADO, C.H.M.; MALHADO, A.C.M.; RAMOS, A.A. et al.(no prelo) Genetic Parameters by Bayesian inference for Dual Purpose Jaffarabadi buffaloes, **Archiv Tierzucht – Archives of animal breeding** Dummerstorf, Germany, 2012.
- MARCONDES, C.R.; BERGMANN, J.A.G.; ELER, J.P. et al. Análises de alguns critérios de seleção para características de crescimento da raça Nelore **Arq. Bras. Med. Vet. e Zootec.**, v. 52, n. 1, p. 83-89, 2000.
- MARIANTE, A. S.; MCMANUS, C.; MENDONÇA, J.F. Country report on the state of animal genetic resources. Brasília. Brasília: Embrapa/**Genetic Resources and Biotechnology**.121p. (Documentos, n.99). 2003.
- MARQUES, J.R.F.; CAMARGO JR, R.N.C.; MARQUES, L.C., et al. A Bubalinocultura no Brasil: Criação, melhoramentos e perspectivas. **Anais...Recife: ABZ/UFRPE**, 2006. V.1.
- MATTAR, M.; MEIRELLES, S.L.; OLIVEIRA, J.A., et al. **Fatores genéticos e ambientais sobre a probabilidade de prenhez precoce do bovino Caracu**. Ciência Rural, v.37, nº 5, Santa Maria. Set/Out 2007.
- MELIS, M.H.V.; SILVA, J.A.II.V.; ELER, J.P. et al. Relação genética entre peso ao nascimento e peso à desmama em bovinos da raça nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., 2001, Piracicaba. **Anais** Piracicaba: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2001. p.515-517.
- MEYER, K.; HILL, W.G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal ‘repeated’ records by restrict maximum likelihood. **Livestock Production Science**, v.47, p.185-200, 1997.
- MORAIS, T.S.S. **Abordagem Bayesiana no modelo AR(1) para dados em painel: uma aplicação em dados temporais de microarray**. Dissertação (mestrado) Universidade Federal de Viçosa, Viçosa – Minas Gerais, 2008.
- NOGUEIRA, J. R. et al., Peso ao nascer e desenvolvimento ponderal de bubalinos das raças Mediterrâneo e Jafarabadi. **Boletim de Indústria Animal**, Nova Odessa, SP, v.46, n.2, p.193-198, 1989.

- NOGUEIRA, J.R.; CARDOSO, V.L.; MATTOS, J.C.A. et al. Sistema de produção de bubalinos para carne em pastagens de capim colômbio na região noroeste do Estado de São Paulo. **Boletim Industrial Animal** v. 54, n. 1, p. 25-32, 1997.
- PACOLA, L.J. et al., Desempenho de bubalinos em Sertãozinho (SP). **Boletim de Indústria Animal**, Nova Odessa, SP, v.35, n.2, p.135-141, 1978.
- PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 4. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ, 2004. 609p
- PEREIRA, R G. de A, BARBOSA, S.B.P. et al. **Peso ao nascer em bubalinos no Estado de Rondônia**. Porto Velho, RO: Embrapa Rondônia. 12p. 2008.
- PEROTTO, D. **Simpósio Brasileiro sobre Cruzamento de Bovinos de Corte**. 1a. ed. Londrina - PR: Instituto Agrônômico do Paraná, 2004. v. 1. 230 p.
- RAFTERY, A.E.; LEWIS, S. How many iterations in the Gibbs sampler? In: BERNADO, J.M.; DAWID, A.P.; et al. (Eds.) **Bayesian statistics 4**. Oxford: Oxford University Press, 1992. p. 763-773.
- RAMOS, A. A. **Potencial do búfalo leiteiro** Contribuição ao estudo dos bubalinos: período 1972-200, Botucatu, 496p., 2002
- RAMOS, A.A.; MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO. P.L.S. et al Caracterização fenotípica e genética da produção de leite e do intervalo entre partos em bubalinos da raça Murrah. **Pesq. Agrop. Bras.**, Brasília, v.41, n.8, p.1261-1267, ago. 2006.
- RAMOS, A. A.; MALHADO, C.H.M.; GONÇALVES, H. et al. **O búfalo como opção de produção de carne**. In BUFFALLO SYMPOSIUM OF AMERICAS, 2., 2002, Corrientes: ALPA, 2004. CD-ROM.
- REIS, R.L., MUNIZ, J.A., SILVA, F.F., et al. Inferência Bayesiana na análise genética de populações diplóides: estimação do coeficiente de endogamia e da taxa de fecundação cruzada. **Revista Ciência Rural**, Santa Maria, v.38, n.5, p.1258-1265, ago, 2008.
- RESENDE, M.D.V., Inferência Bayesiana e simulação estocástica (amostragem de Gibbs) na estimação de componentes de variância e de valores genéticos em plantas perenes. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 46, dez., 2000.
- RIBEIRO, S.; PEDROSA, V.B.; ELER, J.P.; et al. Estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos da característica de peso a desmama de bovinos da raça Nelore utilizando-se os métodos REML e Bayesiano. **Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal**. São Carlos, SP, julho de 2008.
- ROBINSON, D.L. Estimation and interpretation of direct and maternal genetic parameters for weights of Australian Angus cattle. **Livestock Production Science**, v.45, p.1-12, 1996.
- RODRIGUES, A.E. **Estimação de parâmetros genéticos para características produtivas em búfalos (*Bubalus bubalis*) na Amazônia Oriental**. Dissertação (Mestrado) 67p., 2007. Universidade Federal Rural da Amazônia – Belém.

SANTOS, L. H., **Estrutura populacional e tendência genética e fenotípica da raça Guzerá criada no Nordeste do Brasil**. Dissertação (Mestrado), Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências Agrárias. Depto. de Zootecnia, Fortaleza, 2009.

SANTOS, P.F.; MALHADO, C.H.M.M.; CARNEIRO, P.L.S. et al Correlação genética, fenotípica e ambiental em características de crescimento de bovinos da raça Nelore variedade mocha. **Archives of Veterinary Sciences** v.10, n.2, p.55-60, 2005.

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

SEARLE, S.R. Phenotypic, Genetic and Environmental Correlations. **International Biometric Society** vol.17, No.3, p 474-480, 1961.

SILVA, L.O.C. **Tendência genética e interação genótipo x ambiente em rebanhos Nelore, criados a pasto no Brasil Central**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1990. 113p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1990.

SILVA, I.S. **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 São Paulo, 2004.

SILVA, M. S. T.; LOURENÇO JR, J. B.; MIRANDA, H. Á.; et al. **Programa de incentivo a criação de búfalos por pequenos produtores – PRONAF. Pará, agosto de 2003**. Disponível em: <http://www.cpatu.embrapa.br/> et al, 2003.br/bufalo. Acesso em 15/11/2011.

SILVEIRA, J.C.; SOUZA, A.P.; MACMANUS, C. et al. Parâmetros genéticos e ambientais de características produtivas em animais da raça nelore no Mato Grosso do Sul. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 37., 2000, Viçosa. **Anais...** São Paulo: SBZ/Gmosis, [2000]. CD-ROOM. Melhoramento Animal.

SINGH, C.V.; BARWAL, R.S. Buffalo Breeding Research and Improvement Strategies in India. **9° World Buffalo Congress**, Argentina, 2010.

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

SMITH, B.J. **Bayesian output analysis program (BOA) for MCMC**. 2005. Disponível em: <<http://www.public-health.uiowa.edu/boa/boa>> Acesso em: 10/11/2011

SOUZA, J.C. de, MALHADO, C.H.M.,...Parâmetros e tendência genética em bovinos da raça Guzerá na microrregião Mata e Agreste do Nordeste do Brasil. **Revista Acadêmica: ciências agrárias e ambientais**, Curitiba, v.2, n.2, p. 47-52, abr./jun. 2004.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM. SAS. **User's Guide: statistics**. Version 8.2. Cary, NC: Sas Institute Inc.,2000.

THIRUVENKADAN, A.K. et al. Non-genetic and genetic factors influencing growth performance in Murrah Buffalos. **South African Society for Animal Science**, 39, 2009.

Disponível em: <<http://www.ajol.info/index.php/sajas/article/view/65301>> Acesso 10 de mar.2012.

TONHATI, H; FASCIOLA,A.P; Sistemas de produção de carne bubalina no Brasil: Tecnologias e informações para o desenvolvimento sustentável. In: Simpósio de Produção de Gado de Corte, 4, Viçosa, 2007. **Anais...** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa.

TONHATI, J.B.; MENDONZA-SANCHEZ, G.; SESANA, R. et al. Programa de melhoramento genético de búfalos lechero em el Brasil. In: SIMPÓSIO DE BÚFALOS EUROPA-AMÉRICA, 2. 2006, Medellín, Colômbia. **Palestras...** Medellín: 2006. p.123-130.

TORAL, F.LB.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R. Abordagens frequentista e bayesiana para avaliação genética de bovinos da raça Canchim para características de crescimento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.1, p.43-47, 2007.

UTURBEY, W., Técnicas Bayesianas para Engenharia Elétrica. **Relatório Interno de Pesquisa**. Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte - Minas Gerais, 2004.

VAN TASSEL, C.P.; VAN VLECK, L.D. **A manual for use of MTGSAM. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance components estimation (DRAFT)**. Lincoln: Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1995, 86p.

VELLOSO, L., et al. In: **World Buffalo Congress**, 4, 1994, São Paulo. V.2, p. 266-268.

VILLARES, J.B. É preciso entender o interesse brasileiro pelos bubalinos. In Contribuição ao estudo dos bubalinos: período de 1972 – 2001. **Palestras** Alcides Ramos de Amorim (Ed.). Universidade Estadual Paulista - Botucatu – São Paulo. p. 1-4, 2002.

VILLARES, J.B.; DOMINGUES, C.A.C.; RAMOS, A.A. et al Prova de ganho de peso de bubalinos para fins de melhoramento genético. In: RAMOS, A.A.; VILLARES, J.B.; MOURA, J.C. (Eds.) **Bubalinos**. Campinas: Fundação Cargil, 1979, p.235-252.

WILLHIAM, R.L. The role of maternal effect in animal breeding. III Biometrical aspects of maternal effects in animal. **Journal of Animal Science**, vol. 35, p. 1288-1302, 1972.

WILLHIAM, R.L. Problems in estimating maternal effects. **Livest. Prod. Sci.**, 1980, 7:405-418.

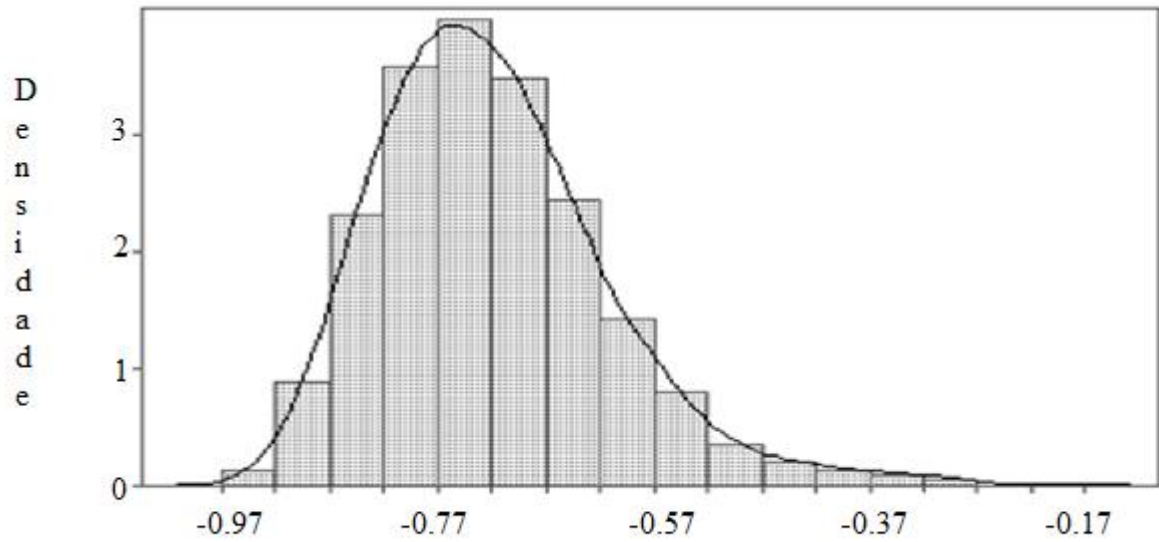
WRIGHT, D. R. et al. Comparing traditional and Bayesian analyses of selection experiments in animal breeding. **Journal of Agricultural Biological and Environmental Statistics**, Alexandria, v.5, n.2, p.240-256, 2000.

YADAV, B.S.; YADAV, M.C.; SINGH, A.; et al. Murrah buffaloes – I Birth Weigth. **Buffalo Bulletin**, v. 20, n.2, 2001.

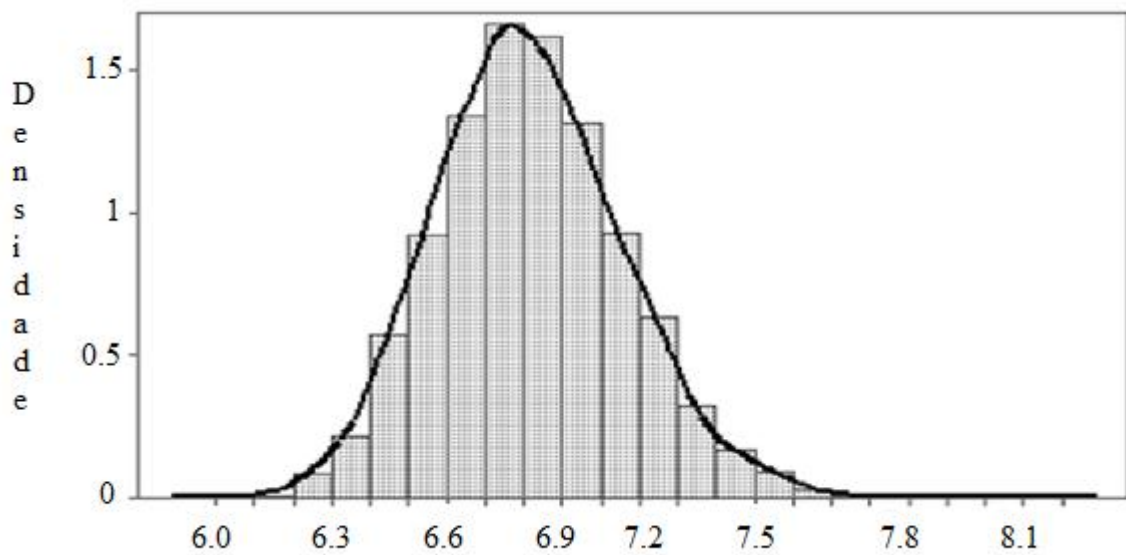
YOKOO, M.J.; ALBUQUERQUE, L.G.; LÔBO, R.B. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para altura do posterior, peso e circunferência escrotal em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.6, p.1761-1768, 2007.

7 APÊNDICES

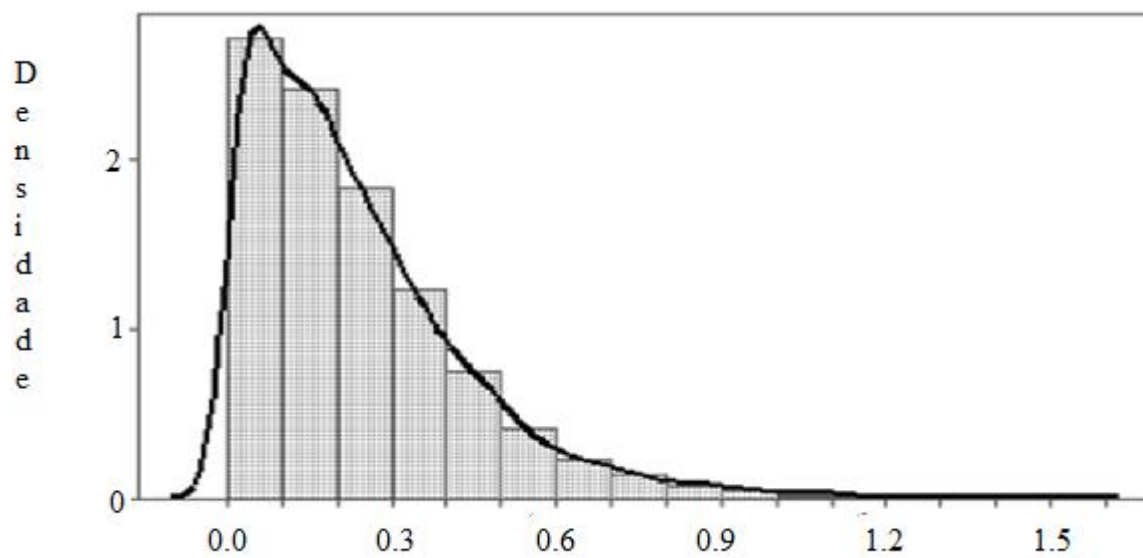
APÊNDICE A – PN Correlação Genética



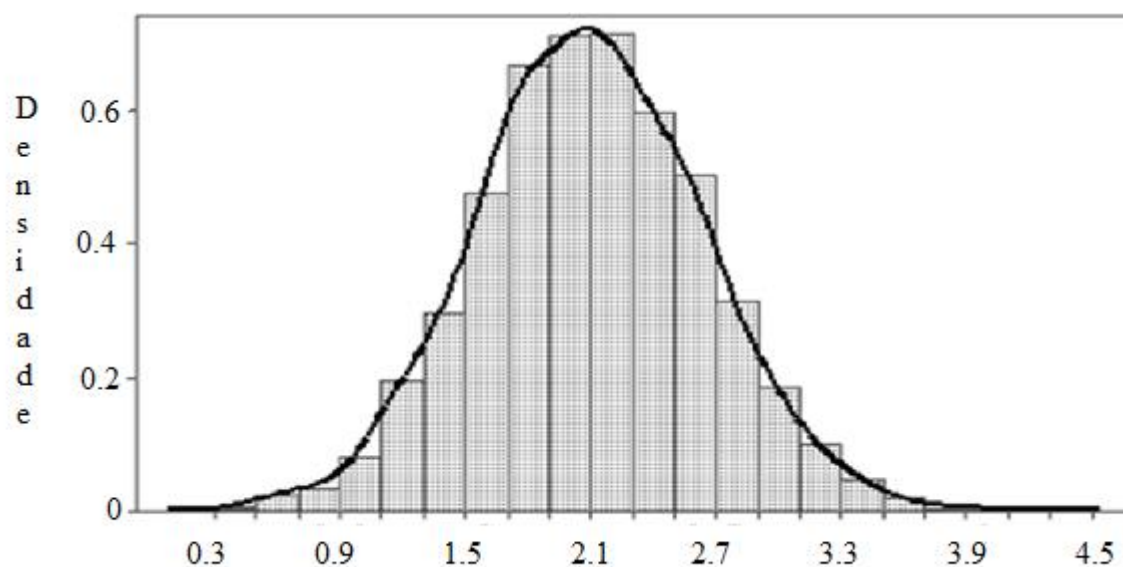
APÊNDICE B – PN Variância Fenotípica



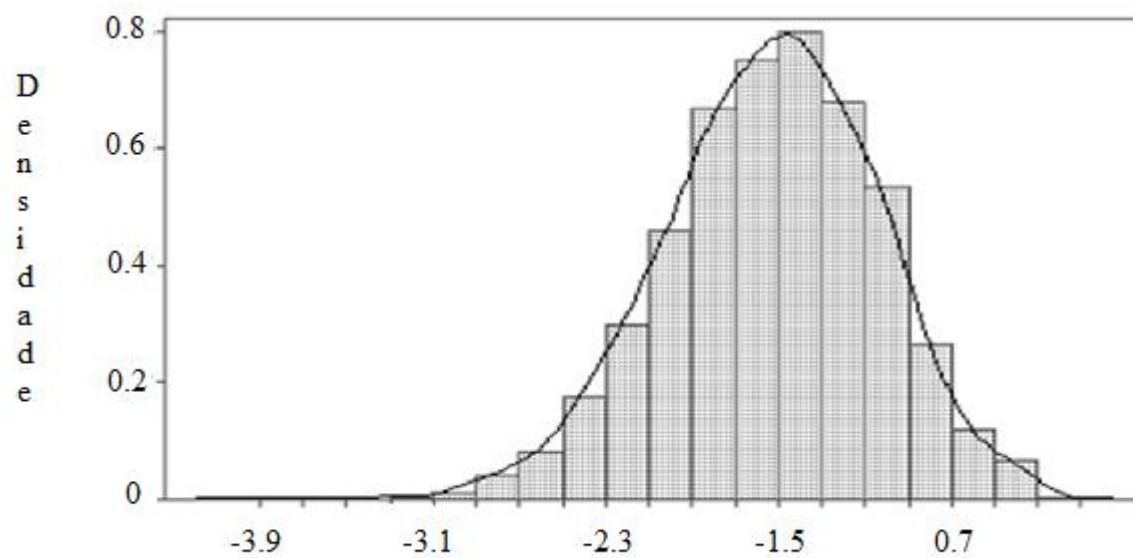
APÊNDICE C – PN Variância de Efeito Permanente de Meio



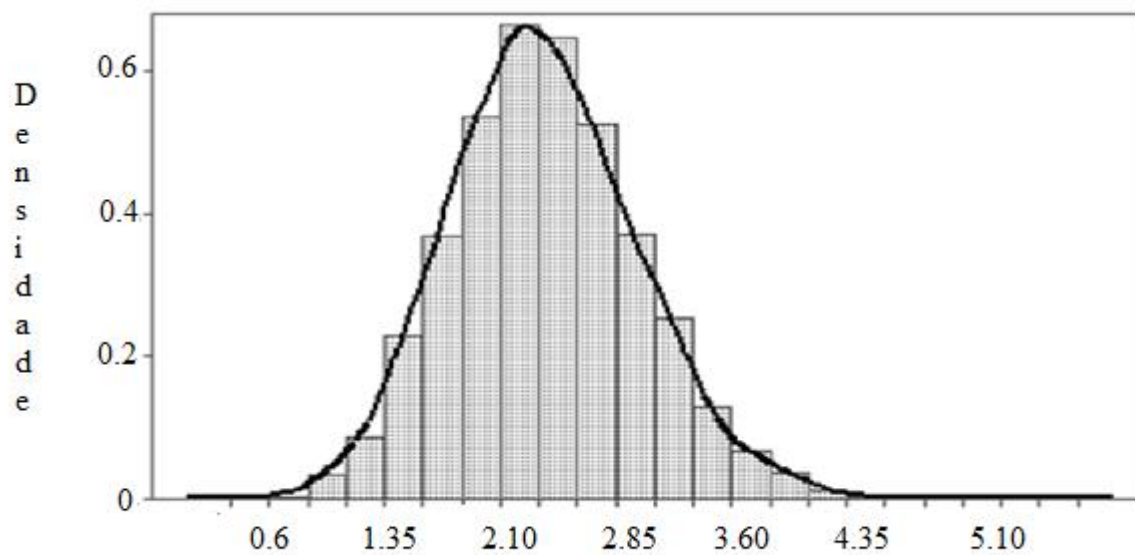
APÊNDICE D – PN Variância Materna



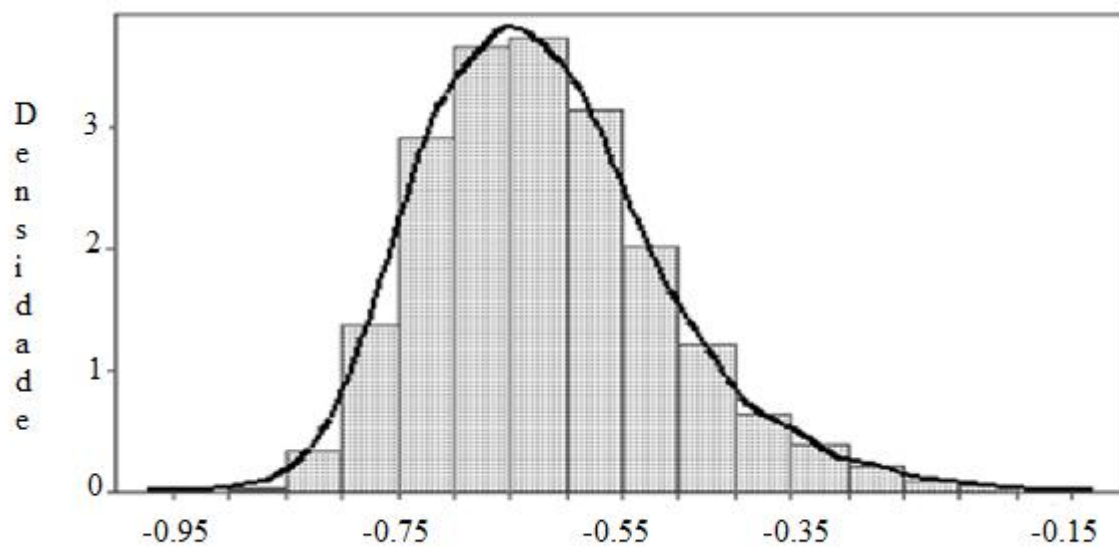
APÊNDICE E – PN Covariância



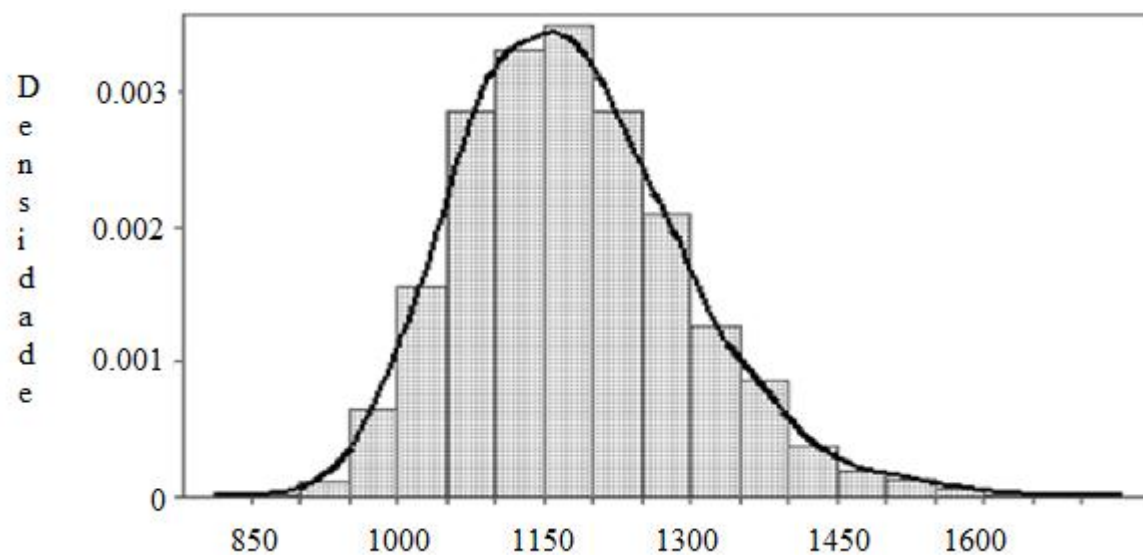
APÊNDICE F – PN Variância Genética Aditiva



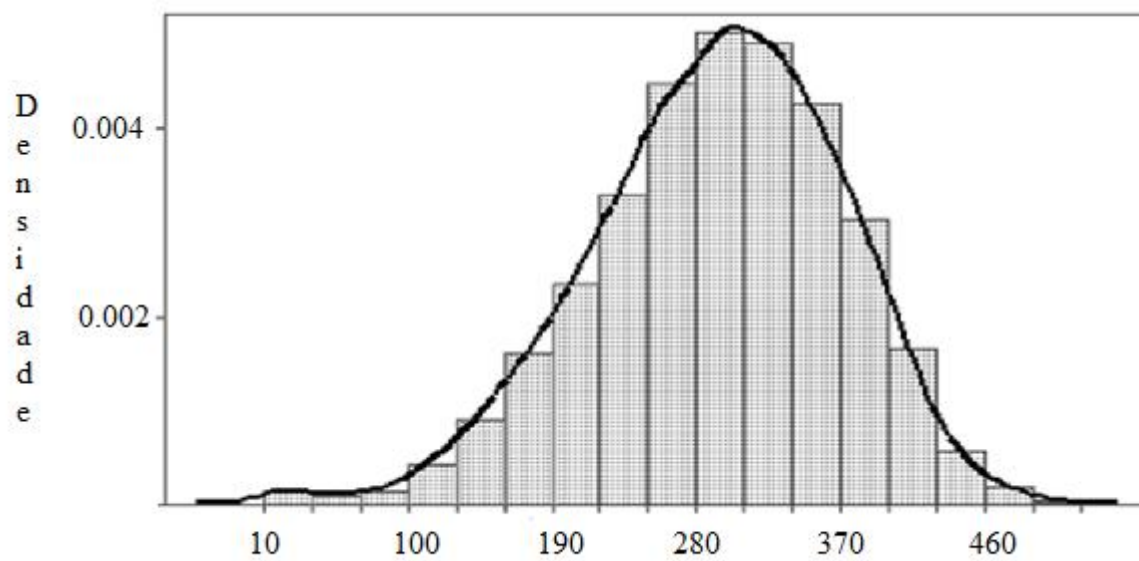
APÊNDICE G – P205 Correlação Direta Materna



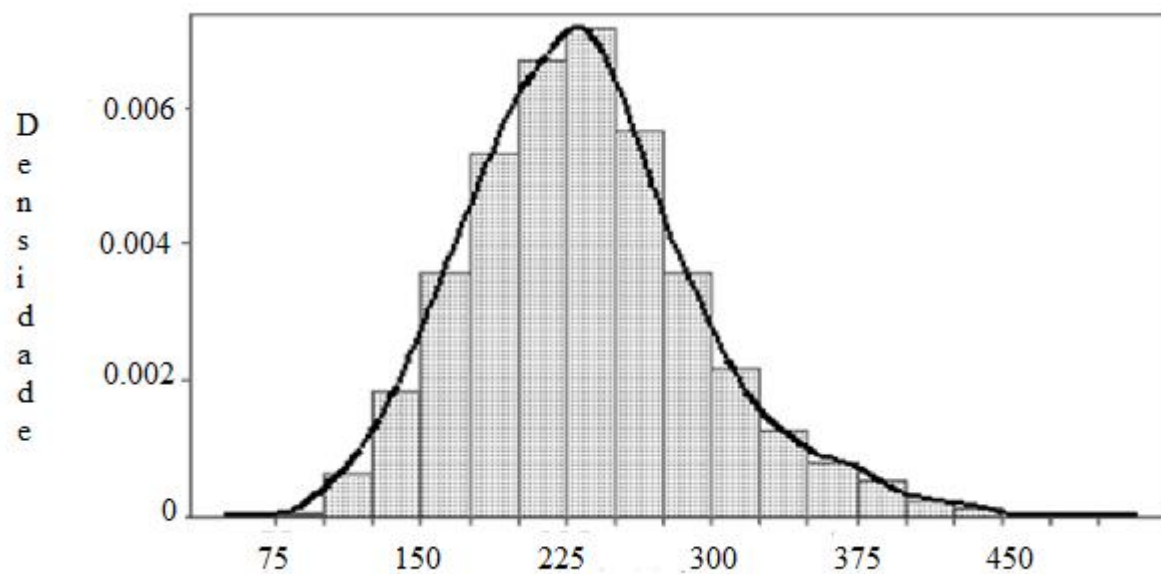
APÊNDICE H – P205 Variância Fenotípica



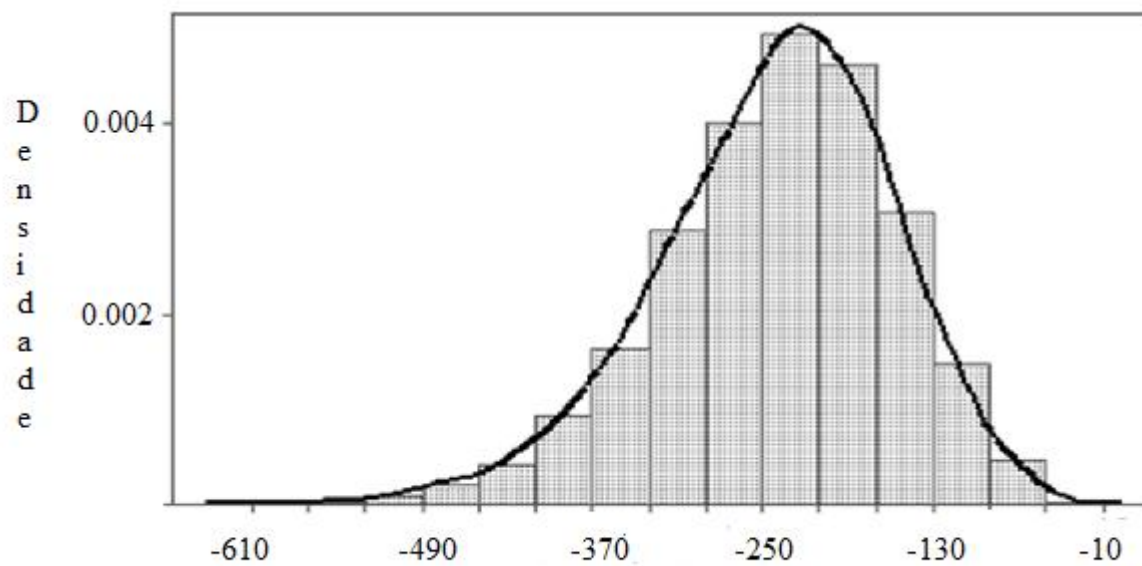
APÊNDICE I – P205 Variância Residual



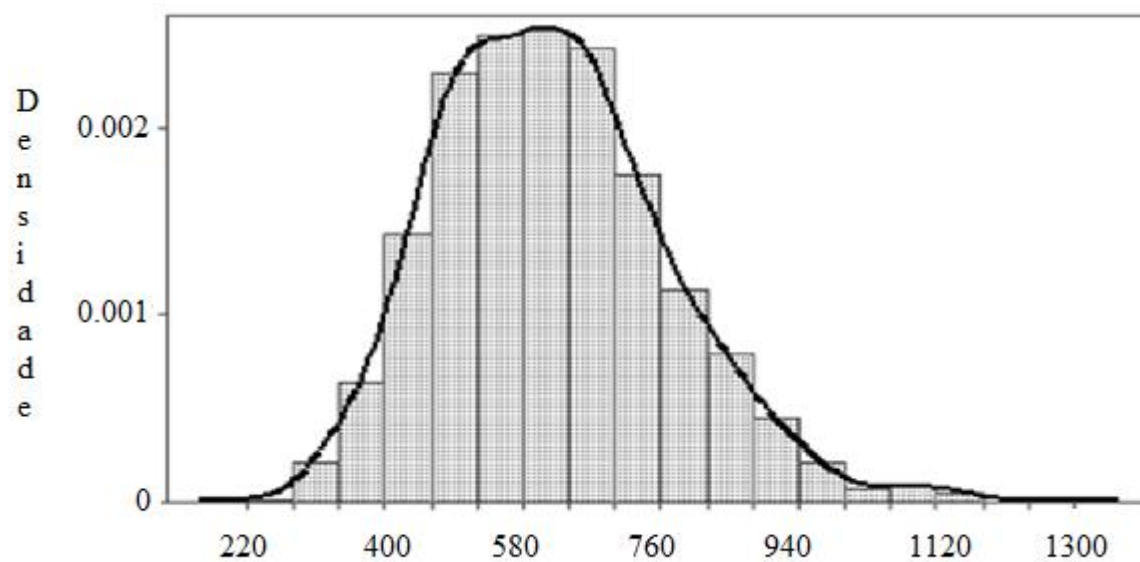
APÊNDICE J – P205 Variância Materna



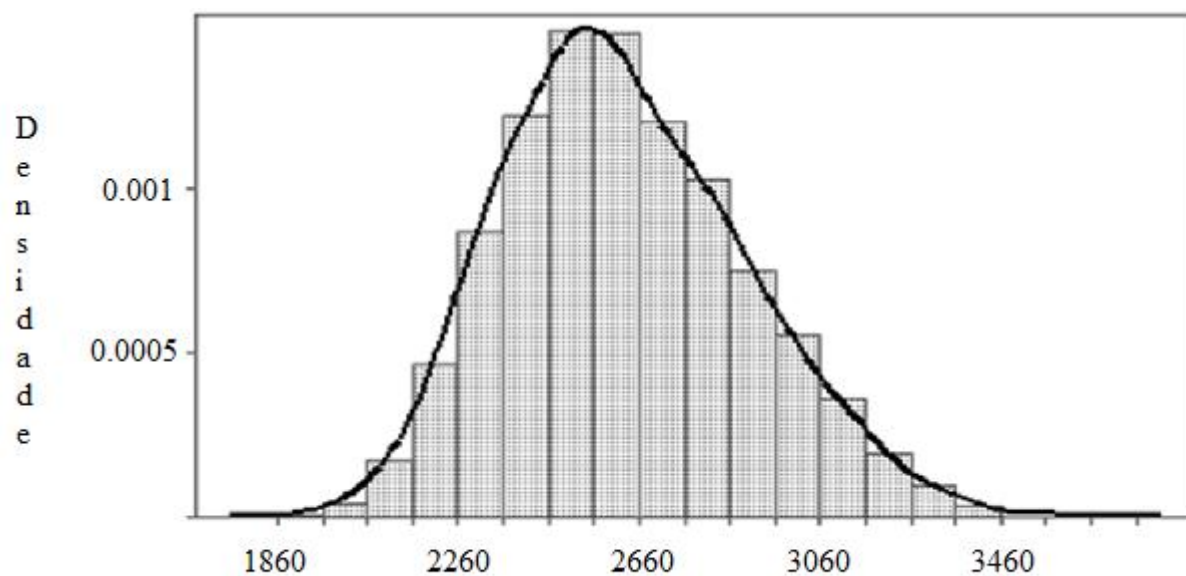
APÊNDICE L – P205 Covariância



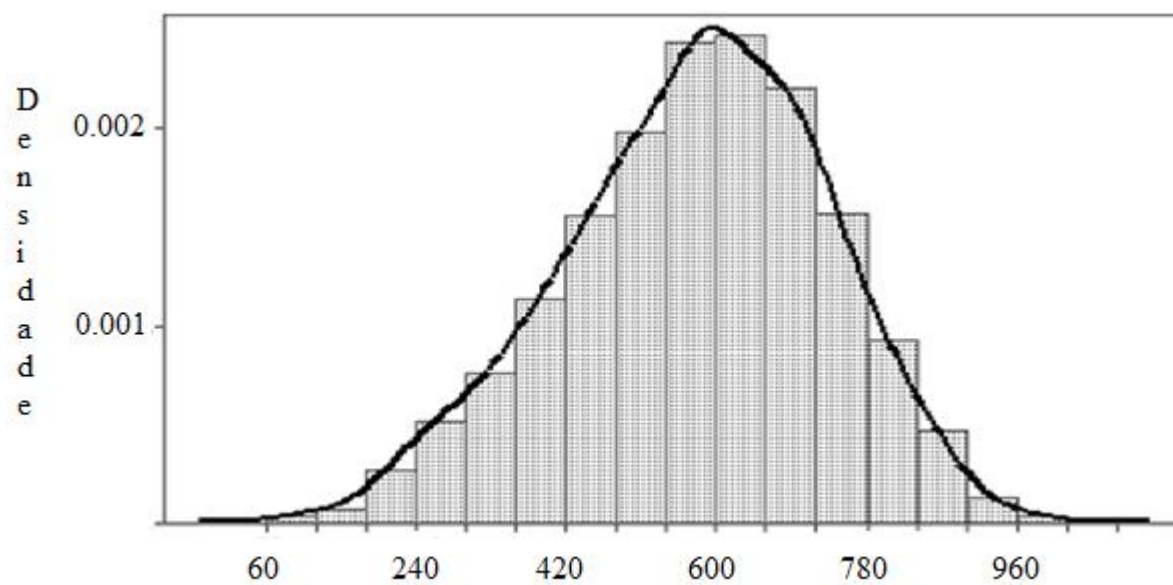
APÊNDICE M – P205 Variância Genética Aditiva Direta



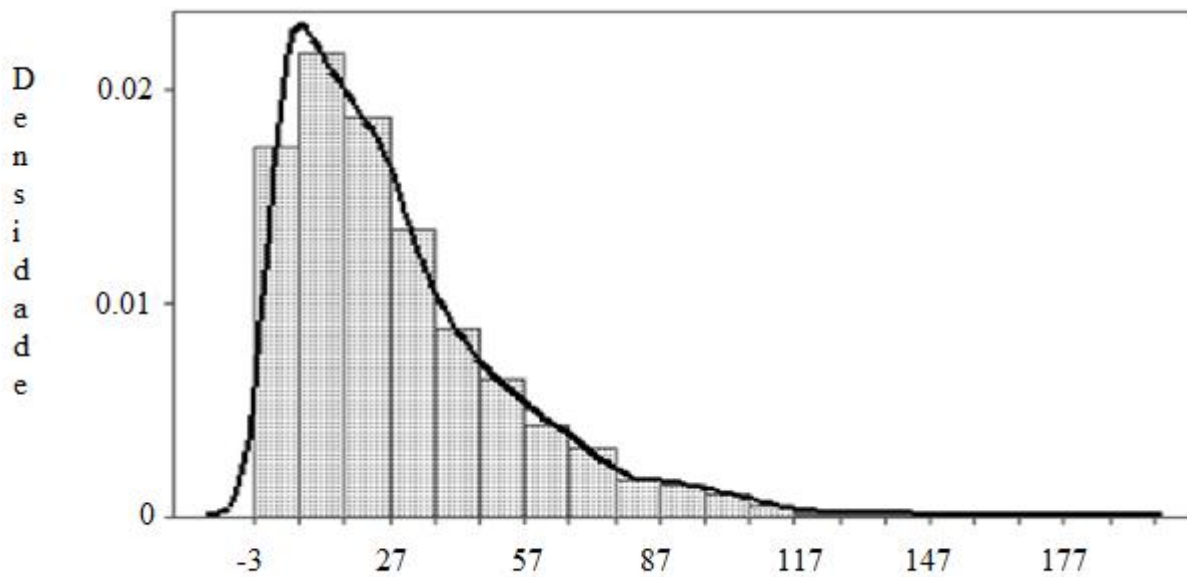
APÊNDICE N – P365 Variância Fenotípica



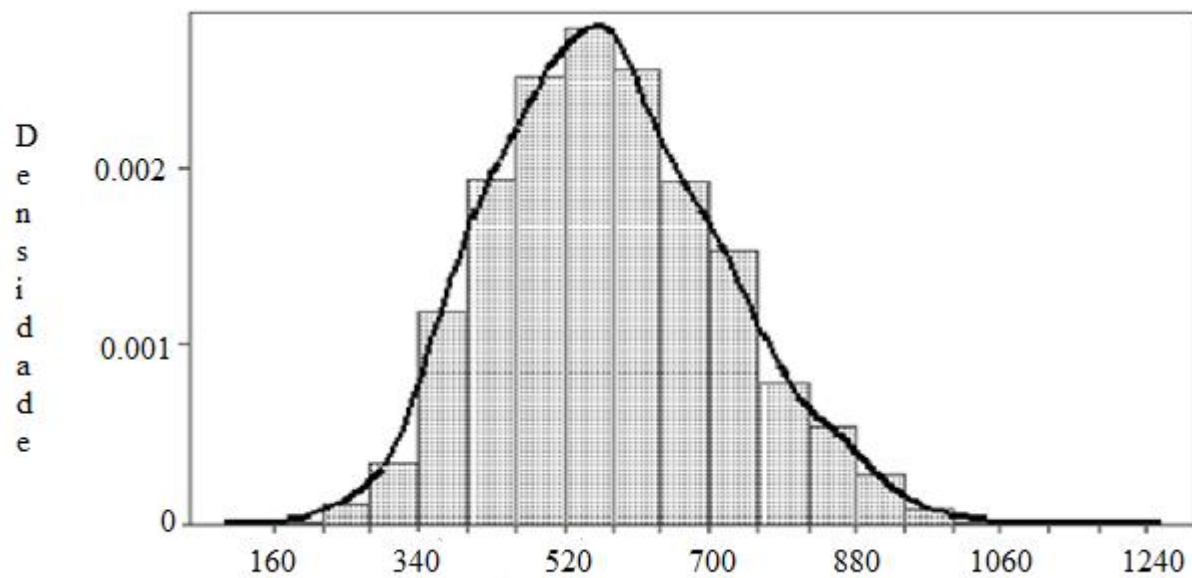
APÊNDICE O – P365 Variância Residual



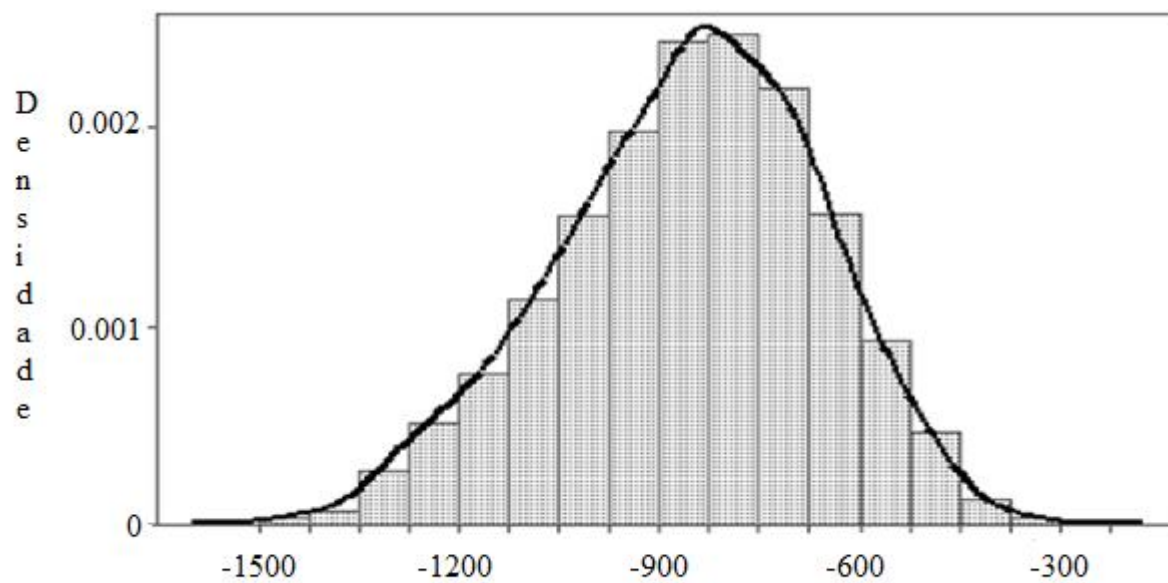
APÊNDICE Q – P365 Variância Ambiental



APÊNDICE P – P365 Variância Aditiva Materna



APÊNDICE Q – P365 Covariância



APÊNDICE R – P365 Variância Aditiva

