

**MODELOS BAYESIANOS ALTERNATIVOS NA
ANÁLISE GENÉTICA DE CARACTERÍSTICA
DE CARÇAÇA *IN VIVO*, DE BOVINOS GUZERÁ**

JAIRO AZEVEDO JUNIOR

2010

JAIRO AZEVEDO JUNIOR

**MODELOS BAYESIANOS ALTERNATIVOS NA ANÁLISE GENÉTICA
DE CARACTERÍSTICA DE CARÇAÇA *IN VIVO*, DE BOVINOS
GUZERÁ**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, área de concentração em Produção Animal, para a obtenção do título de “Mestre”.

Orientador

Prof. Dr. Tarcisio de Moraes Gonçalves

LAVRAS
MINAS GERAIS – BRASIL
2010

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da
Biblioteca Central da UFLA**

Azevedo Júnior, Jairo.

Modelos bayesianos alternativos na análise genética de característica de carcaça *in vivo*, de bovinos Guzerá / Jairo Azevedo Júnior. – Lavras : UFLA, 2010.

68 p. : il.

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2010.

Orientador: Tarcísio de Moraes Gonçalves.

Bibliografia.

1. Inferência bayesiana. 2. Genes de efeito principal. 3. Modo de ação gênica. 4. Herdabilidade. 5. Modelo poligênico finito e infinitesimal. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 636.291

JAIRO AZEVEDO JUNIOR

**MODELOS BAYESIANOS ALTERNATIVOS NA ANÁLISE GENÉTICA
DE CARACTERÍSTICA DE CARÇAÇA *IN VIVO*, DE BOVINOS
GUZERÁ**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, área de concentração em Produção Animal, para a obtenção do título de “Mestre”.

APROVADA em 25 de Fevereiro de 2010.

Prof. Dr. Antonio Ilson Gomes de Oliveira - UFLA

Prof. Dr. João Bosco Barreto Filho - UFLA

Prof. Dr. João Bosco dos Santos - UFLA

Prof. Dr. José Camisão de Souza - UFLA

Prof. Dr. Tarcisio de Moraes Gonçalves
UFLA
(Orientador)

LAVRAS
MINAS GERAIS – BRASIL

A Deus, pela dádiva da vida e
sempre me iluminar e guiar
meus caminhos e decisões.

DEDICO

Aos meus pais, Jairo e Eliane,
e às irmãs, Cristiane, Regina, Daniela e
Larissa pelo amor incondicional, incentivo,
carinho e por compreenderem minha
ausência.

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Lavras e ao Departamento de Zootecnia, pela oportunidade de realização do curso.

Ao CNPq pela concessão da bolsa de estudos.

À Associação de Criadores de Guzerá do Brasil (ACGB) e à Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais pela cessão dos dados utilizados neste trabalho.

Ao Prof. Tarcisio de Moraes Gonçalves, pela orientação, confiança, amizade, paciência e ensinamentos.

Aos professores, Antonio Ilson Gomes de Oliveira, João Bosco dos Santos, José Camisão de Souza e João Bosco Barreto Filho pelas sugestões.

Aos colegas do grupo de Melhoramento Animal, Vivian, Marco Aurélio, Mary Ana, Julimar, José Rodolfo, João Paulo, Marielle, Ana Luísa e Hemerson pela amizade, companheirismo e pelo constante apoio na realização dos trabalhos.

Aos funcionários do departamento de Zootecnia da UFLA.

Aos amigos de Lavras-MG.

Aos amigos de Gurupi-TO.

Aos amigos da República Orfanato e agregados.

Aos amigos Samuel, Caio e Alline, pessoas especiais que sempre me apoiaram e acompanharam nesta jornada.

Aos amigos de graduação (turma ZOO 2004/2).

Aos familiares que, mesmo à distância, conseguiram demonstrar sua preocupação, carinho e incentivo.

Àqueles que colaboraram para a realização deste trabalho.

A Deus, por tornar tudo isso possível e me cercar de pessoas especiais.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	I
ABSTRACT	II
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1 A raça Guzerá	3
2.2 Ultrassonografia.....	4
2.3 Características de carcaça	8
2.3.1 Área de olho de lombo (AOL).....	8
2.3.2 Espessura de gordura	9
2.3.2.1 Espessura de gordura na costela (EG)	9
2.3.2.2 Espessura de gordura na picanha (EGP8).....	10
2.4 Qualidade e rendimento de carne.....	10
2.5 Efeitos genéticos e ambientais.....	12
2.6 Inferência bayesiana	15
2.7 Metodologias e modelos para a análise de características quantitativas.....	18
2.8 Genes de efeito principal (GEPs).....	20
2.9 Modo de ação gênica	22
2.10 Estimativas de herdabilidade	23
3 MATERIAL E MÉTODOS	28
3.1 Dados	28
3.2 Características analisadas	30
3.3 Modelos ajustados.....	31
3.4 Distribuições adotadas <i>a priori</i>	34
3.5 Distribuição conjunta <i>a posteriori</i>	35
3.6 Estimação dos parâmetros estudados por inferência bayesiana.....	35

3.7 Análises computacionais a <i>posteriori</i>	37
3.8 Amostragem dos genótipos dos genes no MPF	38
3.9 Diagnóstico de convergência e seleção de modelos	38
3.10 Número de genes de efeito principal	39
3.11 Parâmetros genéticos	40
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	42
4.1 Diagnóstico de convergência e seleção de modelos	43
4.2 Detecção de genes de efeitos principais.....	46
4.3 Herdabilidades e modo de ação gênica.....	50
5 CONCLUSÕES	55
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	56

RESUMO

AZEVEDO JUNIOR, Jairo. **Modelos bayesianos alternativos na análise genética de característica de carcaça *in vivo*, de bovinos Guzerá.** 2010. 68 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.*

O melhoramento genético das características de carcaça de zebuínos pode contribuir para a conquista de novos mercados consumidores para a carne bovina brasileira. O objetivo deste trabalho foi estudar modelos alternativos para a análise genética de características de carcaça, avaliadas *in vivo*, pela técnica de ultrassonografia em bovinos da raça Guzerá. Foram utilizados dados de mensuração da área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura na costela (EG) e espessura de gordura na picanha (EGP8), obtidas em 655 animais. Os modelos Poligênico Finito (MPF), Modelo Poligênico Infinitesimal (MPI) e MPF combinado com MPI (MPF + MPI) foram testados. Os efeitos de meio ambiente permanente, idade e peso à mensuração e grupo de contemporâneos foram considerados na análise. Adotou-se metodologia Bayesiana por meio do uso da Cadeia de Markov, algoritmos de Monte Carlo (MCMC), via Amostrador de Gibbs e *Reversible Jump Sampler (Metropolis-Hastings)*, utilizando o software FlexQTLTM. Ao analisar as características AOL e EGP8, observou-se convergência da cadeia e menores erros residuais quando ajustado o modelo combinado (MPF + MPI), caracterizando-o como o modelo de melhor ajuste para a análise destas características. Para a característica EG, o modelo MPI foi o único a apresentar convergência da cadeia. Detectou-se a presença de três genes de efeito principal (GEP), com ação gênica de dominância parcial, responsáveis pela variação da característica AOL, e dois GEP, com ação gênica de sobredominância para a característica EGP8. As herdabilidades, quando ajustado o modelo combinado para a característica AOL, foram de 0,15 para a fração poligênica e 0,10 para a oligogênica; para a característica EGP8, foram de 0,19 e 0,13, respectivamente. A herdabilidade de 0,17 foi observada para EG quando ajustado o modelo MPI. Conclui-se que as características AOL e EGP8 são influenciadas pela ação de poligenes e oligogenes, simultaneamente, e esses efeitos devem ser considerados na análise genética dessas características. As ferramentas da seleção e acasalamento são indicadas para o melhoramento das características AOL e EGP8, respectivamente.

Palavras-chave: Ação gênica; genes de efeito principal; herdabilidade; inferência bayesiana; modelo poligênico finito e infinitesimal

* Comitê de orientação: Tarcísio de Moraes Gonçalves - UFLA (Orientador), José Camisão de Souza - UFLA e Antonio Ilson Gomes de Oliveira - UFLA.

ABSTRACT

AZEVEDO JUNIOR, Jairo. **Bayesian alternative models in genetic analyses of *in vivo* carcass trait, of Guzerá breed**. 2010. 68 p. Dissertation (Master Program in Animal Science). Federal University of Lavras, Lavras, MG.*

The genetic improvement of carcass traits of zebu can contribute to the achievement of new consumer markets for Brazilian beef. The aim was to study alternative models for the genetic analysis of some carcass traits assessed, *in vivo*, by ultrasound technique in Guzerá breed. Data were measurements of rib eye area (REA), fat thickness at the rib (FTR) and fat thickness at the rump (BTR), obtained from 655 animals. Finite polygenic model (FPM), infinitesimal polygenic model (IPM) and FPM combined with IPM were tested. The effects of permanent environment, age and weight at measurements-day and the contemporary group were considered at analyze. It was adopted a Bayesian analysis through the use of Markov Chain, Monte Carlo algorithms (MCMC), the Gibbs sampler and Reversible Jump sampler (Metropolis-Hastings) using the software FlexQTLTM. Analyzing the traits REA and BTR, it was noted convergence of the chain and lower residual errors when adjusted the combined model (FPM + IPM), featuring the best model for the analysis of these characteristics. For the trait FTR, the IPM was the only one that got chain convergence. It was detected three major genes (MG) with partial dominance gene action responsible for the variation of trait REA, and for the trait BTR two MG with overdominance gene action were detected. Heritabilities, when adjusted the combined model for trait REA, was 0.15 for the polygenic fraction and 0.10 to oligogenic fraction; for the trait BTR was 0.19 and 0.13, respectively. The heritability of 0.17 was noted for FTR when adjusted the model IPM. It was concluded that the traits REA and BTR are influenced by polygenes and oligogenes action simultaneously, and these effects should be considered in the genetic analyses of these traits. The tools of selection and mating are indicated for the improvement of traits REA and BTR, respectively.

Key words: Bayesian inference; finite and infinitesimal polygenic models; genic action; heritability; major genes

**Advisory Committee*: Tarcisio de Moraes Gonçalves - UFLA (*Advisor*), José Camisão de Souza – UFLA and Antonio Ilson Gomes de Oliveira - UFLA.

1 INTRODUÇÃO

O Brasil tem buscado novos mercados consumidores da carne bovina, o que tem promovido maior preocupação em toda a cadeia produtiva a fim de melhorar a qualidade das carcaças comercializadas.

A avaliação de características ligadas à qualidade da carcaça tem sido realizada com o auxílio de novas tecnologias, propiciando a seleção precoce de bovinos, baseada na avaliação da carcaça no animal antes do abate (*in vivo*). A ultrassonografia é uma delas e tem sido utilizada com sucesso neste contexto em programas de avaliação e seleção de bovinos de corte. Esta técnica tem baixo custo e fornece medições confiáveis de características relacionadas à qualidade de carcaça de bovinos.

Algumas destas características, como a Área de Olho de Lombo e a Espessura de Gordura na Costela e na Picanha, têm sido priorizadas nos processos de avaliação das carcaças, pois, são correlacionadas com várias outras características que se referem à qualidade de acabamento, produtividade de carcaça e rendimentos de cortes cárneos.

O conhecimento genético destas características é de fundamental importância antes de incluí-las em programas de seleção e melhoramento dos animais. Atualmente, a maioria dessas características de qualidade da carcaça é tratada como tendo efeito poligênico, no entanto, caso sejam controladas pela expressão gênica de alguns genes de efeito principal (GEP), com a metodologia clássica não é possível detectar estas evidências. Como a herança de características influenciadas por GEP é diferente das características consideradas poligênicas, alguns erros podem ser cometidos ao serem realizadas inferências genéticas no processo de seleção.

Se forem obtidas evidências de GEP, ligadas à expressão gênica dessas características, serão fornecidos, também, subsídios para estudos futuros de análises de ligação entre marcadores moleculares e a expressão fenotípica. Caso existam estas ligações, a caracterização do potencial genético do animal, por meio de marcadores moleculares, será importante no processo de seleção.

No entanto, os estudos que envolvem o conhecimento genético destas características de carcaça em zebuínos, além de utilizarem metodologia clássica, ainda, são muito escassos para algumas raças, incluindo a raça Guzerá, dificultando sua inclusão nos programas de avaliação genética e seleção (Sainz et al., 2003; Barbosa, 2005; Lima Neto, 2007).

Considerando o destaque da raça Guzerá no cenário produtivo brasileiro em que vem exibindo ganhos significativos em produtividade, excelentes resultados com valorização dos animais em leilões, aumento na comercialização de sêmen e atraindo diversos criadores que apreciam sua beleza estética, rusticidade e sua aptidão para produção de carne com qualidade e precocidade, o estudo e a avaliação das características de carcaça nesta raça são justificados.

Neste sentido, o objetivo deste trabalho foi estudar modelos alternativos para a análise genética de algumas características de carcaça avaliadas pela técnica de ultrassonografia em bovinos da raça Guzerá.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 A raça Guzerá

No Brasil, estima-se que 80% da população bovina tenham alguma composição genética de animais zebuínos demonstrando, assim, a capacidade adaptativa e reprodutiva desses animais para as condições tropicais (Josahkian, 2000).

Entre as raças zebuínas que, ainda, persistem no Brasil, a raça Guzerá foi a primeira a ser introduzida no país. Trazida da Índia, no final do século XIX, destacou-se na pecuária e nos cafezais fluminenses. Surgiu como uma solução para arrastar os pesados carroções e até vagões para transporte de café, nas íngremes montanhas e, também, para produzir leite e carne. Com o advento da abolição da escravidão, em 1888, os cafezais fluminenses entraram em decadência, o que levou os fazendeiros a buscar maior proveito deste gado, por meio da seleção das características leiteiras e cárneas (Santos, 1999).

No Brasil, o Guzerá está espalhado por várias regiões, mas é notória sua presença na região nordestina, cuja raça foi a única que sobreviveu, produtivamente, durante os cinco anos consecutivos de seca (1978-1983), além de ter enfrentado, também, outras secas históricas (1945, 1952). A raça Guzerá teve até 1925 uma participação muito expressiva nos negócios de bovinos nacionais, mas na década de 40 foi prejudicada pela política de cruzamentos para formação do Indubrasil, que causou uma drástica diminuição do plantel de animais puros (Silva, 2004).

A partir de 1995, houve retomada da raça, aumentando o número de registros genealógicos de nascimento feitos pela Associação Brasileira dos

Criadores de Zebu (ABCZ), ocupando hoje o quarto lugar entre as raças zebuínas em número de registros nesta associação (Lima Neto, 2007).

Atualmente, é muito criada no Rio de Janeiro, Minas Gerais, São Paulo e Goiás e vem se expandindo para todas as regiões, com notáveis resultados (Santos, 1999). A participação do gado Guzerá na pecuária brasileira vem se tornando cada vez maior, representando mais de 10% do rebanho puro zebuíno do país, além de participação expressiva no efetivo de animais cruzados, com uma estimativa de mais de 30 milhões de animais com algum grau sanguíneo da raça Guzerá (Lima Neto, 2007).

A aptidão da raça Guzerá, na pecuária de corte, é comprovada pela rusticidade, a habilidade materna e pelos diversos cruzamentos obtidos com a raça. O Guzerá foi o alicerce seguro na formação de diversas outras raças como: Brahman, Santa Gertrudis, Lavínia, Pitangueiras, Santa Mariana, Riopardense, Xingu, Santa Gabriela, Cariri. Tem-se observado uma crescente exportação de animais desta raça para diversos países, tais como Estados Unidos, Costa Rica, Honduras, México, Nicarágua, Panamá, Venezuela, Colômbia, Equador, Paraguai, Costa do Marfim, Senegal, Angola, entre outros (Santos, 1999).

Além disso, a raça Guzerá vem obtendo nos últimos anos, significativos ganhos em produtividade, excelentes resultados com valorização dos animais em leilões e aumento na comercialização de sêmen (Lima Neto, 2007).

No entanto, apesar da importância da raça Guzerá para a pecuária nacional, o número de trabalhos científicos publicados sobre parâmetros genéticos de características de carcaça, nesta raça, ainda é bastante pequeno (Silva, 2004, Lima Neto, 2007).

2.2 Ultrassonografia

Existem diversos métodos ou técnicas de avaliação/mensuração da composição da carcaça em bovinos *in vivo*, que incluem: formas mecânicas e

ópticas, exame eletromagnético, impedância elétrica, raios-X, tomografia computadorizada e ressonância nuclear magnética. O ultrassom possui vantagens em relação aos outros métodos, pois, tem melhor custo benefício quando utilizado em larga escala e é mais prático no uso a campo (Lima Neto, 2007).

Há vários tipos de aparelhos de ultrassom no mercado, e todos operam com o princípio de ondas sonoras enviadas, criando um eco quando batem em uma superfície densa.

Há três tipos de aparelhos de ultrassonografia. O primeiro é chamado de método de amplitude ou método “A”, no qual o aparelho ultrassom apresenta uma imagem uni direcional da amplitude e distância do retorno do eco. O segundo é o método do brilho ou método “B”, em que há duas exibições de pontos dimensionais. O transdutor é movido por meio da superfície e é apresentada uma imagem de um corte anatômico seccional. O terceiro é o método do movimento do ultrassom ou “M” ou “*MT- mode*”, é um formato unidimensional que descreve pontos ou pequenos sinais, e o transdutor é apoiado em um lugar sobre os órgãos em movimento (Figueiredo, 2001). Este é mais usado em ecocardiogramas.

Os métodos utilizados para escaneamento em bovinos de corte são os tipos “A” e “B”. Para medidas mais acuradas, como as necessárias em um programa de melhoramento, o uso de aparelhos de ultrassom do tipo “B” é mais recomendado, pois, fornecem a possibilidade de armazenagem da imagem para posterior análise em programas computacionais com maior precisão (El Faro, 1993; Barros, 1993).

A avaliação mediante a ultrassonografia pode beneficiar todos os segmentos da indústria da carne em virtude da maior acurácia na determinação do mérito das carcaças. Em 1989, a Federação de Melhoramento de Gado de Corte (BIF) dos EUA reportou que o método mais promissor, para incorporação

das diferenças esperadas nas progênes (DEP's) do mérito de carcaça, em programas de melhoramento das raças, era a utilização da ultrassonografia em tempo real para predição dos atributos de carcaças (Perkins, 1992).

Algumas empresas melhoradoras da Austrália estimam *breeding values* (DEP's), para características de carcaça medidas por ultrassom, incluindo área de olho de lombo e profundidade de gordura subcutânea entre a 12^a e 13^a costelas e de picanha desde 1990 (Reverter, 2000). No Brasil, o ultrassom está sendo utilizado para avaliação destas características e seu uso tem sido crescente nos Programas de Melhoramento Genético da raça Nelore (Lôbo, 2001).

A ultrassonografia é um método mais simples, fornece boa confiabilidade, aliada à praticidade em trabalhos a campo, além de gerar medidas com alta acurácia e repetibilidade da gordura externa e área muscular do *Longissimus thoracis* em gado de corte (Crews et al., 2003).

Citam-se quatro finalidades, para as técnicas de avaliação *in vivo* de carcaças, como a ultrassonografia. A primeira consiste na avaliação da composição corporal dos reprodutores e de seus descendentes. A segunda é focada na monitoração da composição corporal da população comercial, avaliação dos lotes (grupos contemporâneos), quanto à deposição de gordura, por exemplo, para fins de determinação do momento ótimo de abate. A terceira é a identificação, na fazenda dos animais para descarte, para terminação e para reprodução. A quarta concentra-se na valorização do gado comercial no mercado, em particular no mercado de leilões, valorização de lotes e de reprodutores com características positivas para rendimento de carcaça (deposição de gordura em níveis desejáveis) (Figueiredo, 2001).

A aplicação desta tecnologia na fazenda possibilita que os touros, as novilhas de reposição e os novilhos para o abate sejam classificados em grupos, conforme as especificações de mercado, facilitando a seleção. Na indústria, na compra de matéria prima de melhor qualidade; e o retalhista, na aquisição de

carcaças que apresentem maior rendimento de cortes desossados (Tarouco, 2004).

Medidas de espessura de gordura e área de olho de lombo, feitas por ultrassom, antes do abate, podem ser preditores acurados das medidas reais na carcaça em gado de corte por possuírem altos coeficientes de correlação (Robinson et al., 1992; Perkins et al., 1992; Bif, 1996; Figueiredo, 2001; Crews & Kemp, 2001; Araújo, 2003; Barbosa, 2005; Lima Neto, 2007), e se refletem no desempenho de carcaça das progênes (Robinson et al., 1992).

Uma importante vantagem dessa técnica é, quando as medidas são realizadas diretamente na carcaça, com os animais abatidos. O encurtamento das fibras musculares pelo processo de resfriamento da carcaça e a retirada da gordura subcutânea da carcaça no momento da esfolagem, podem levar à perda da variabilidade genética da AOL e da gordura subcutânea. Conduz, assim, a estimativas de herdabilidade menores do que aquelas observadas quando as mensurações são realizadas por meio do ultrassom em tempo real, nos animais *in vivo* (Ritchie, 2001).

A variação para características de carcaça dentro dos rebanhos, com animais de mesmo sexo, nascidos no mesmo ano e manejados dentro de um mesmo grupo, provavelmente, será pequena, na ordem de poucos milímetros para a espessura de gordura e menos de 20 cm² para a área de músculo. Alguns fatores podem afetar a acurácia e a precisão das estimativas da composição corporal dos animais por ultrassom, incluindo as limitações tecnológicas; experiência do técnico, nível de acabamento e musculosidade da carcaça; sexo e idade do animal, alterações nas características dos tecidos pós-morte; remoção do couro na desfolagem, método de contenção, raça ou indivíduo; altura, umidade e desbaste ou não do pelo do animal; tipo e temperatura do acoplante acústico, redução da escala da imagem, tipo de equipamento e efeito do manejo da carcaça pós abate (Tarouco, 2004).

2.3 Características de carcaça

Na maioria dos programas de melhoramento genético são consideradas as medidas de espessura de gordura, por serem de suma importância no processamento da carne, tanto na indústria como na residência do consumidor; a área do músculo *Longissimus thoracis*, por apresentar correlação com rendimento da carcaça e com a porção comestível da mesma (Magnabosco et al., 2000). A biologia de desenvolvimento destas características segue uma regra geral para todas as raças. A partir do momento em que o animal nasce até atingir a idade adulta, ocorre um rápido crescimento esquelético, muscular e dos demais órgãos. O crescimento esquelético cessa, mas continua o crescimento muscular e inicia-se o crescimento do tecido adiposo (Pedroso et al., 2003).

2.3.1 Área de olho de lombo (AOL)

A AOL é uma característica coletada, transversalmente, no músculo *Longissimus thoracis* (contra-filé), na região entre a 12^a e 13^a costelas, expressa em centímetros quadrados (cm²) e está relacionada à quantidade de músculo, com o rendimento da carcaça e, principalmente, com os cortes nobres (Prado et al., 2004).

Os músculos que amadurecem mais lentamente representam um índice mais confiável para avaliação do desenvolvimento muscular dos animais. O músculo dorsal ou *Longissimus thoracis* é de maturidade tardia e de fácil mensuração, quando se utiliza a área de olho de lombo (AOL), que o torna preferido para avaliação do desenvolvimento do tecido muscular (Gesualdi Júnior et al., 2006).

A AOL não se constitui uma medida de fácil implementação no frigorífico, o que justifica sua avaliação antes do abate. Sua avaliação auxilia na estimação do grau de musculosidade e da porção comestível da carcaça,

possibilitando melhor avaliação dos efeitos do método de seleção e dos tratamentos idealizados no manejo dos animais destinados ao abate.

2.3.2 Espessura de gordura

Mudanças nas proporções de lipídeos, água e tecido conectivo ocorrem durante o crescimento e têm efeitos importantes sobre a qualidade da gordura. O tecido de gordura jovem contém proporção mais alta de água e tecido conectivo e uma proporção de lipídeos contida em células pequenas (Leat & Cox, 1980). Com o envelhecimento do animal e diversificação da energia da dieta, o tamanho celular é aumentado, conseqüentemente, aumentando a proporção de lipídeos e diminuindo a de tecido conectivo e água. Estas mudanças ocorrem de forma uniforme e podem ser usadas para prever a composição da carcaça (Aberle et al., 1977).

2.3.2.1 Espessura de gordura na costela (EG)

É mensurada, perpendicularmente, entre a 12^a e 13^a costelas, a qual quantifica a espessura de gordura subcutânea sobre o músculo *Longissimus thoracis* e é expressa em milímetros (mm). O ponto de medida está localizado a $\frac{3}{4}$ da distância da espinha dorsal (medial) e a lateral final do músculo *Longissimus thoracis* (Lima Neto, 2007).

A cobertura de gordura subcutânea é uma característica importante e tem sido mensurada desde os anos 50 com o uso do ultrassom *A-Mode* (Stouffer, 1991). Está relacionada à camada de gordura de cobertura na carcaça, essencial para evitar extremo enrijecimento *post mortem* que acaba comprometendo a qualidade da carne e, conseqüentemente, a perda de mercado consumidor.

A seleção genética para essa característica pode ser feita visando ao aumento ou decréscimo da espessura de gordura. Segundo Tait (2001), o aumento da espessura de gordura leva a uma diminuição do rendimento de carcaça. No entanto, todos os frigoríficos brasileiros certificados exigem o

mínimo de espessura de gordura (geralmente 3 mm), porém, somente 50-60% dos animais terminados em sistemas de pastejo conseguem alcançar esse valor e receber bonificações (Araújo, 2003). Em outros mercados, como o norte americano, a seleção é direcionada para redução na espessura de gordura e aumento no rendimento de carne. Deve-se ressaltar que, em programas de melhoramento que utilizam Diferenças Esperadas nas Progênes (DEPs), para menor espessura de gordura nas novilhas de reposição, limitações podem surgir uma vez que estas novilhas venham a apresentar menor desempenho reprodutivo (Lima Neto, 2007).

2.3.2.2 Espessura de gordura na picanha (EGP8)

A característica Espessura de Gordura subcutânea na Picanha (EGP8), medida em milímetros (mm), é mensurada entre a intersecção dos músculos *Gluteus medius* e *Biceps femoris*, localizada entre o ílio e o ísquio do animal. Está relacionada com a precocidade de acabamento da carcaça.

A EGP8 é uma característica interessante para animais criados em pastagem por ter desenvolvimento mais precoce que a gordura nas costelas na idade ideal de coleta da imagem e possuir melhor acurácia e repetibilidade de mensuração quando comparada à EG (Yokoo, 2005).

2.4 Qualidade e rendimento de carne

Duas características são importantes para a aceitação do carne bovina pelo consumidor. A primeira relacionada à qualidade visual, compreendida como aparência e, após o preparo, a qualidade gustativa, avaliada pela palatabilidade do produto (Felicio, 1997).

Para os frigoríficos, o valor econômico da carcaça é o que prevalece e depende, basicamente, de dois fatores: a qualidade e o rendimento da porção comestível dos cortes com maior demanda e valor comercial. O rendimento de

carcaça impacta diretamente a receita dos produtores e frigoríficos porque reflete a quantidade de carne vendável na carcaça inteira (Lima Neto, 2007).

A qualidade da carne depende de muitos fatores como cor, marmoreio, maciez, suculência e sabor. Não levando em conta o manejo *post e ante mortem*, alguns atributos da carne sofrem influência significativa da variação genética (Luchiari Filho, 2000), como o sexo (inteiros ou não) e idade (Aferri, 2003). O uso da raça taurina no cruzamento com zebuíno melhora a qualidade da carne, aumentando a maciez (Luchiari Filho, 2000).

O rendimento de carcaça é baseado na quantidade total de músculo em comparação com a de ossos e de gordura e está associado a diferentes partes da meia carcaça. A alometria do crescimento caracteriza-se, primariamente, pelo desenvolvimento dos ossos, seguida pelo crescimento muscular e, finalmente, pela deposição de gordura. Esta pode ser modificada com o genótipo, o sexo, o programa nutricional e todos esses fatores afetarão o rendimento de carcaça (Lima Neto, 2007).

O impacto de algumas características sobre a porcentagem de rendimento em cortes pode ser observado na Tabela 1, a qual é diretamente dependente de outros fatores como sexo, uso de hormônios e composição genética do animal (Tait et al., 2002, citado por Lima Neto, 2007). Segundo o autor, a seleção para as características AOL, EG e EGP8 pode responder, positivamente, na porcentagem de rendimentos em cortes.

TABELA 1 Impacto de algumas características sobre a porcentagem de rendimento em cortes

Característica	Relação	Proporção/Medida	Resposta na porcentagem de rendimento em cortes
Espessura de Gordura	Redução	0,25 cm	Aumenta ~ 1%
Área de Olho de Lombo	Aumento	2,5 cm ²	Aumenta ~ 1,2%
Peso da Carcaça	Redução	177 g	Aumenta ~ 1,3%

Fonte: Tait (2002), citado por Lima Neto (2007).

2.5 Efeitos genéticos e ambientais

O desempenho dos bovinos, em relação às principais características de interesse econômico, pode ser influenciado por vários fatores: de ambiente, como o clima, manejo, alimentação; e genéticos, como raça e grupamento genético.

Os parâmetros intrínsecos a cada raça, como as curvas de crescimento e idades ótimas para coleta de dados, bem como os fatores ambientais, tais como, sistemas de manejo, devem ser bem estabelecidos antes que as mensurações de ultrassom sejam usadas para predição de méritos genéticos da carcaça (Tait et al., 2001).

Yokoo (2005) relata que os fatores importantes para as características de crescimento, também, podem influenciar as características de carcaça

Os fatores associados ao ambiente que afetam as características de carcaça, tais como, manejo, clima, alimentação, ano/mês/estação/fazenda de nascimento, entre outros, podem ser minimizados por meio da inclusão dos grupos de contemporâneos (Bocchi, 2003; Yokoo, 2005). Os grupos de contemporâneos são grupos de animais manejados em condições ambientais semelhantes, de forma a reduzir os efeitos de meio sobre a expressão das características de interesse (Bourdon, 2000). Em bovinos de corte, para as características de crescimento, geralmente, os grupos de contemporâneos são definidos por: ano e estação de nascimento, fazenda, sexo e lotes de manejo (Yokoo, 2005).

Os efeitos fixos da fazenda de origem do rebanho, sexo, ano de nascimento, data da medida, grupo de manejo e idade foram analisados sobre as características AOL, EG e EGP8, avaliadas pela ultrassonografia em animais da raça Guzerá. Verificou-se que as características AOL e EGP8 apresentaram variação significativa, de acordo com todos os efeitos fixos, enquanto a característica EG não foi influenciada pelo ano de nascimento. Em análise

preliminar, o autor verificou que os efeitos de mês e ano de nascimento não foram significativos e os efeitos de mês e época da medida apresentaram confundimento e deveriam ser excluídos do modelo (Lima Neto, 2007).

Foram estudadas 215 estimativas de AOL e 209 de EGC, extraídas de 36 artigos publicados entre 1985 e 2006 em metodologia de metanálise (Lopes et al., 2008). Os autores concluíram que o país em que o animal foi criado, a categoria animal, o sistema de alimentação no qual o animal está inserido e a idade e o peso à mensuração das características afetam a variação da AOL e EG. Observaram, também, que os genótipos taurinos continentais apresentaram os maiores valores de AOL; os taurinos, de origem britânica, apresentaram os maiores valores para a EG, e os zebuínos valores intermediários para ambas as características.

Em modelos utilizados para estimar parâmetros genéticos das características de carcaça, além do grupo de contemporâneos, os efeitos de classe da idade da vaca ao parto (Araujo et al., 2004) e idade do animal na mensuração (Reverter et al., 2000) têm sido incluídos nas análises. Estes efeitos podem ser ajustados, por meio de fatores de correção, incluindo esses efeitos como covariáveis no modelo de análise (Bocchi, 2003).

Foram estudados os fatores que afetam a AOL, EG, EGP8 e porcentagem de gordura intramuscular em novilhas e touros jovens da raça Angus, sob modelo de regressão (Wilson et al., 2000). Concluíram que tanto a AOL como as espessuras de gordura subcutânea (EG e EGP8) devem ser ajustadas para peso ou idade do animal no dia da mensuração. Os modelos que incluíram o peso apresentaram coeficiente de determinação mais alto que aqueles incluindo apenas idade à mensuração. Quando ambos, idade e peso, foram utilizados no mesmo modelo de regressão, a idade foi sempre a que teve o menor efeito.

Avaliando, ainda, a inclusão das covariáveis idade e peso na data do ultrassom no modelo que estimava parâmetros genéticos de características de carcaça, Kemp et al. (2002) verificaram que as estimativas dos parâmetros genéticos, para as características de carcaça, foram ligeiramente mais baixas quando o peso foi incorporado no modelo.

Com a finalidade de avaliar o ganho alcançado na seleção das características AOL e EG, avaliadas por ultrassonografia, em idade/peso constante em 2.101 animais da raça Brangus, Johnson et al. (1993) verificaram que os resultados alcançados na seleção realizada a uma idade constante teriam um ganho um pouco maior de $1,06 \text{ cm}^2/\text{ano}$ para AOL. Isso foi verificado em comparação à mudança de $0,94 \text{ cm}^2/\text{ano}$, para a seleção feita, segundo medidas de ultrassonografia a peso fixo. As mudanças para EG seriam apenas $0,005$ e $0,004 \text{ cm}/\text{ano}$ com base na seleção em idade e peso fixados, respectivamente.

Hassen et al. (2004), ao estudarem componentes de variância para a característica AOL, medida por ultrassonografia em touros e novilhas Angus, observaram influência da idade sobre esta característica. Os autores verificaram que estas medidas poderiam ser utilizadas, para selecionar reprodutores precocemente, com cerca de um ano de idade, pois, nesta idade foi encontrada a maior herdabilidade para essa característica. Estes mesmos autores, também, avaliaram o efeito de meio ambiente permanente sobre esta característica. Concluíram que a influência do mesmo aumenta com a idade do animal.

Utilizando o modelo misto para estimar componentes e variância e parâmetros genéticos de características de crescimento e de carcaça, obtidas por ultrassonografia na raça Santa Gertrudis, Karsburg et al. (2004) observaram que os valores em virtude do efeito de ambiente permanente da vaca mostram que grande parte da variância, que poderia ser tida como genética aditiva é, na verdade, derivada dos efeitos genéticos não-aditivos. Se este efeito, portanto, não for incluído no modelo matemático, a variância genética aditiva pode ser

superestimada. Este resultado é semelhante ao relatado por Lima Neto (2007), ao verificar que a estimação do efeito de ambiente permanente absorveu parte da variância do erro, quando este efeito foi ajustado ao modelo, para estimar parâmetros genéticos de características de carcaça avaliadas por ultrassom em animais da raça Guzerá. No entanto, os parâmetros genéticos encontrados com ou sem o ajuste para o efeito permanente não indicaram diferenças significativas.

Em outros trabalhos encontrados na literatura, também, foi relatado que o efeito materno deve ser incluído nos modelos, para a avaliação genética de animais da raça Guzerá e deve fazer parte dos objetivos da seleção em todas as fases do desenvolvimento (Pimenta Filho et al., 2001).

2.6 Inferência bayesiana

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

Desde o início da década de 80 o método mais utilizado, para estimação de componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos, é o Modelo misto por meio do Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML). Mais recentemente, métodos Bayesianos vêm sendo propostos como uma opção para solução de problemas relacionados à avaliação de mérito genético em populações com pedigree complexo em animais (Barbosa, 2005; Costa, 2008; Gonçalves, 2003; Bink, 2002).

Uma característica favorável da inferência bayesiana é a possibilidade de utilização de informação prévia, adquirida antes da obtenção dos dados. Esta informação é incluída na análise mediante o fornecimento de uma distribuição *a priori* dos parâmetros a serem analisados, juntamente com uma expressão de incerteza a respeito da mesma, antes da observação dos dados. 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 à *priori* à *posteriori*, usando, para isso, os dados do experimento e, também, considerando a expressão de incerteza do pesquisador na distribuição inicial fornecida (Resende, 2000).

De acordo com Gianola et al. (1994), com o uso de métodos frequentistas, como é o caso do REML, obtêm-se somente estimativas pontuais da variância genética. Diante de uma simples medida de erro, só haveria sentido em amostras muito grandes. Diante de dados distribuídos de forma normal e em análises em que não há o conhecimento das médias e variâncias, haveria de se utilizar as estimativas da máxima verossimilhança como se fossem os parâmetros verdadeiros, ignorando o seu erro. As análises bayesianas, porém, permitem calcular a densidade marginal posterior do parâmetro de interesse e com tal distribuição quantifica-se, exatamente, o erro de um parâmetro desconhecido, apresentando maior precisão dos parâmetros estimados.

As formas de apresentação dos resultados são bem diferentes entre os métodos frequentistas e bayesianos. A escola bayesiana trabalha com probabilidades e suas estimativas são distribuições de densidade probabilística do parâmetro em estudo e em uma amostra determinada. A escola frequentista gera um valor estimado e um intervalo de confiança, podendo oferecer distribuições apenas quando se repetir por infinitas vezes o experimento. Mas, neste caso, a interpretação, também, é completamente diferente, pois, estaria obtendo uma distribuição de um estimador e não de inferências sobre o parâmetro, como no método bayesiano. Vale assinalar, porém, que alguns conceitos de uso frequente no melhoramento genético, como a diferença entre efeitos fixos e aleatórios, não são considerados na escola bayesiana, visto que o método considera todos os efeitos como aleatórios (Blasco, 2001).

A inferência bayesiana utiliza o Teorema de Bayes (Gianola & Fernando, 1986), para atualizar estimativas da probabilidade de que diferentes hipóteses sejam verdadeiras, baseado nas observações e no conhecimento de como essas observações se relacionam com as hipóteses (Sorensen, 1996).

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

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

Aplicando o Amostrador de Gibbs, Barbosa (2005) verificou que este algoritmo, desde que corretamente implementado, possibilitou a estimação de distribuições *a posteriori* dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de características de carcaça de bovinos da raça Nelore coletados em campo. Segundo esse método permitiu-se a visualização das distribuições das

estimativas de herdabilidade e de correlações genéticas, que não é possível quando se adota o método da Máxima Verossimilhança Restrita.

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

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

Em geral, amostras muito grandes (10.000 observações ou mais) são necessárias para a obtenção de resultados que não sejam dependentes dos valores iniciais (Hoeschele, 1991).

A aplicabilidade da metodologia Bayesiana foi comprovada por Gonçalves (2003). Esse autor concluiu que esta metodologia pode ser usada com sucesso na análise de informações viáveis de pedigree, fenótipo e marcadores moleculares com a qual possibilitou-se descrever a arquitetura genética, identificar os componentes genéticos e suas magnitudes em duas características de carcaça e uma de crescimento em suínos.

2.7 Metodologias e modelos para a análise de características quantitativas

Quase todas as estimativas de componentes de variância aditivos e não aditivos, encontrados na literatura, foram obtidas ajustando o Modelo Poligênico Infinitesimal (MPI), por meio do método de estimação da máxima

verossimilhança ou com os métodos não iterativos mais simples (Du & Hoeschele, 2000).

O MPI foi introduzido por Fisher, em 1918, supondo que as características são determinadas por alelos de locos diferentes e que o efeito de cada loco é pequeno. O MPI exige duas importantes pressuposições: (1) as características seguem uma distribuição normal; (2) o relacionamento entre as características é linear. O MPI tem sido usado com sucesso em melhoramento animal e provado ser robusto para se prever resposta à seleção em programas de melhoramento (Martinez et al., 2000).

O modelo Poligênico Finito (MPF) foi proposto pela primeira vez por Thompson & Skolnick (1977), para estimar a herdabilidade da longevidade, usando informações de pedigrees mais complexos em humanos e, subsequentemente, por Fernando et al. (1994) para análise de segregação complexa em animais. Para estes MPF iniciais, segundo esses autores, pressupôs-se: loco bialélico, ação aditiva dos genes, constância dos efeitos aditivos e frequências dos alelos por locos, e efeito poligênico em lugar de genótipos de locos individuais. Recentemente, MPF foi explorado como um modo alternativo de calcular componentes de variância genéticos (Du et al., 1999; Pong-Wong et al., 1999; Du & Hoeschele, 2000). O MPF permite a inclusão de efeitos genéticos não-aditivos, como dominância e epistasia, que é difícil de ser feito no MPI por razões metodológicas e computacionais (Boer & Hoeschele, 1993).

Alguns pesquisadores propuseram a utilização de um modelo que combinasse, simultaneamente, os Modelos Poligênico Finito e o Infinitesimal (Costa, 2008; Gonçalves, 2003; Bink et al., 2002). Na análise combinada (MPF + MPI), é considerada, simultaneamente, a possibilidade de a mesma característica ser influenciada por genes de efeito principal e poligenes. Assim, permite-se separar a ação do efeito poligênico e de genes de efeito principal

sobre a característica em análise (Costa, 2008). Este autor, ainda, ressalta que o ajuste de modelos, combinando efeitos oligogênicos e poligênicos com o número de genes de efeito principal (GEP), considerado como uma variável aleatória, pode tornar o método de estimação de componentes de variância, em uma população com informações de pedigree, mais flexível, robusta e mais adequada.

2.8 Genes de efeito principal (GEPs)

As metodologias estatísticas, para a detecção de genes de efeito principal, baseadas em informações de genealogia e fenótipo, têm sido desenvolvidas para populações animais. Estes métodos são baseados no uso de modelos mistos e análise de segregação, para ajustar os dados a uma mistura de modelos genéticos que inclua os efeitos poligênicos e o efeito bialélico do gene de efeito principal. Por meio destes métodos, foram descobertos GEPs, para características de carcaça em suínos, com base em uma mistura de modelo genético e Amostrador de Gibbs (Janss et al., 1995, Janss et al., 1997; Gonçalves, 2003; Costa, 2008).

Características de importância econômica são, na maioria das vezes, quantitativas e influenciadas por um grande número de genes, cada qual contribuindo com um pequeno efeito para a manifestação do fenótipo, chamados de poligenes, e sofrem grande influência do meio ambiente (Gonçalves, 2003).

Contrariando essa pressuposição, Lande (1981) encontrou evidências de que algumas características quantitativas podem ser influenciadas por um pequeno número de genes (Figura 1) que têm efeito, relativamente, importante na manifestação do fenótipo, os chamados genes de efeito principal ou, da expressão inglesa, *major genes*.

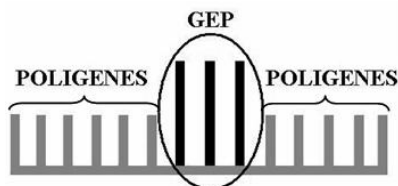


FIGURA 1 Esquema do efeito de poligenes e de genes de efeito principal (GEP) sobre características quantitativas (Costa, 2008).

Alguns genes importantes foram encontrados em animais domésticos e, desde então, maior atenção tem sido dada à análise de locos de características quantitativas (QTL) (Miyake et al., 1999). A este respeito, Janss et al. (1995 e 1997) introduziram o método de amostragem de Gibbs nas abordagens Bayesianas para análise de segregação. Análise de segregação é considerada uma ferramenta genética útil, pois, somente registros fenotípicos de uma população são necessários.

A eficácia da análise de segregação pelo modelo de herança mista com amostragem de Gibbs, para a identificação de segregação de genes de efeitos principais, foi comprovada por Janss et al. (1997) e Miyake et al. (1998). Em complemento, propôs-se a utilização da variância inerente ao gene de efeito principal como forte indicativo do mesmo em análises de segregação (Miyake et al., 2001).

A importância de se estimar o número de genes que contribuem com a variância de características quantitativas está na elaboração de bons programas de melhoramento (Costa, 2008).

Uma vez realizada a análise de segregação e detectado o número de genes, que afetam uma característica em particular, a localização de regiões específicas as quais controlam o caráter em análise de ligação é facilitada, e,

com isso, a seleção assistida por marcadores moleculares torna-se mais confiável.

Como existem evidências de que algumas características que eram consideradas somente de efeito poligênico sejam influenciadas por genes de efeito principal, os valores das estimativas de herdabilidade, para estas características, devem ser calculados, considerando os efeitos oligogênicos dos GEPs, sendo assim chamadas de herdabilidades verdadeiras (Costa, 2008).

2.9 Modo de ação gênica

A ação dos genes, dependendo do valor relativo da expressão de cada genótipo, pode ser classificada como aditiva ou não aditiva. Da ação não aditiva classificam dois tipos diferentes de ação, a do tipo dominância, que considera interações entre alelos do mesmo loco, e a epistasia, com interações alélicas entre locos diferentes. Dependendo do valor do genótipo heterozigoto em relação à média dos genótipos homozigotos, a ação de dominância se divide em dominância do tipo completa, incompleta/parcial e sobredominância.

No caso de ação aditiva, a média dos filhos é sempre igual à média dos pais, que permite prever o que vai acontecer na progênie, e ao acasalar indivíduos superiores tem-se descendentes com média igual a estes. Consequentemente, a ação aditiva pode ser útil para a seleção de animais (Gama, 2002).

No caso de ação gênica devido à dominância, não é possível prever com precisão que acontecerá na progênie de um determinado acasalamento, pois, a escolha de animais superiores não resulta, necessariamente, em descendência com valores mais elevados. Em determinados tipos de acasalamento, o valor dos filhos pode ser superior ao valor médio dos pais, que é conhecido por heterose. No caso de dominância, portanto, pode-se desfrutar da heterose pela utilização de cruzamentos (Gama, 2002).

Não se deve esperar grande resposta heterótica para características quantitativas da carcaça quando as mesmas apresentam alta herdabilidade (Carpenter, 1973). Porém, o modo de ação gênica dos alelos responsáveis pelas características peso de carcaça quente, área de olho de lombo, conformação, peso da porção comestível da carcaça e porcentagem de dianteiro foi estudado em animais puros Charolês e Caracu e seus cruzamentos. Foi verificada ação gênica do tipo dominância afetando essas características, havendo resposta heterótica para o cruzamento alternado destas raças (Perotto et al., 2000).

2.10 Estimativas de herdabilidade

Na literatura, observa-se que as herdabilidades para as características estudadas apresentam valores conflitantes. Com o desenvolvimento da tecnologia da ultrassonografia, maior conhecimento dos fatores que afetam as características de carcaça (Sugisawa, 2002) e do desenvolvimento de métodos e modelos de análise genético-estatísticos, estes valores de herdabilidade tendem, cada vez mais, serem mais adequados e precisos.

A herdabilidade de Área de olho de lombo (AOL), obtidas por ultrassonografia varia de 0,11 a 0,70 (Tabela 2). Para Espessura de Gordura subcutânea, entre as 12^a e 13^a costelas (EG), os valores obtidos apresentam amplitude maior, de 0,04 a 0,69. Sendo a magnitude da herdabilidade dessas características de média a alta, poder-se-ia alterar, significativamente, a composição corporal em um curto espaço de tempo aplicando alta pressão de seleção e se a população selecionada apresentar alta variabilidade genética (Johnson et al., 1993; Robinson et al., 1993; Shepard et al., 1996; Tarouco, 2004).

Na Tabela 2 podem ser observadas estimativas de herdabilidade para as principais características de carcaça variando de 0,04 a 0,70. Diferenças nas estimativas são esperadas, uma vez que a herdabilidade é um parâmetro

característico de cada população e pode sofrer alterações em consequência da seleção e mudanças no manejo, entre outros, e, além disto, métodos e modelos de estimação podem influenciar os resultados.

As características de carcaça avaliadas em animais da raça Guzerá, ainda, foram pouco estudadas. Contudo, Lima Neto (2007) obteve medidas de carcaça por ultrassonografia em 1.300 animais da raça Guzerá de ambos os sexos, e idade média de 17,6 meses. A herdabilidade para AOL foi 0,35, para EG o valor estimado foi de 0,05, e de 0,20 para EGP8 em análise univariada. Em análise bivariada, os valores encontrados foram 0,34, 0,10 e 0,32 para AOL, EG e Espessura de gordura na picanha (EGP8), respectivamente. Conclui-se que, para a raça Guzerá, essas características são altamente herdáveis e podem responder, rapidamente, em qualquer programa de seleção genética.

Utilizando animais cruzados de vacas da raça Hereford com touros das raças Jersey, Wagyu, Angus, Hereford, South Devon, Limousin e Belgian Blue, Pitchford et al. (2006) avaliaram características de carcaça e encontraram herdabilidades de 0,28 e 0,29 para AOL e (EGP8), respectivamente.

Com o objetivo de realizar um estudo genético-quantitativo em características de carcaça em zebuínos Nelore mensuradas pela técnica de ultrassonografia, Barbosa (2005) utilizou a amostragem de Gibbs e o programa MTGSAM (*Multiple Trait using Gibbs Sampler under Animal Model*). As características analisadas e as herdabilidades (em parênteses) encontradas para análises uni e bivariadas foram AOL (0,64), EG (0,41), EGP8 (0,65). Conclui-se que medidas avaliadas, por meio da técnica de ultrassonografia, apresentam herdabilidade média a alta e variabilidade genética suficientes para serem incorporadas em programas de melhoramento genético.

Em uma população de 12.227 animais da raça Japanese Black, parâmetros genéticos foram estudados sob diferentes modelos genético-estatísticos e as metodologias REML e Bayesiana (Miyake et al., 1999).

Considerando as características AOL, EG e EGP8 e modelo poligênico, os autores encontraram herdabilidades próximas para as duas metodologias (Tabela 2), sugerindo que a aplicação da metodologia Bayesiana é uma ferramenta confiável para a estimação de parâmetros genéticos em populações animais.

Em animais da raça Hereford, Arnold et al. (1991) estimaram herdabilidades para medidas de ultrassom da espessura de gordura e área do músculo *Longissimus thoracis* de 0,26 e 0,25, respectivamente. Resultados similares para a característica AOL foram estimados por Sainz et al. (2003) ao estudar animais da raça Nelore. Os valores obtidos foram 0,29, 0,44 e 0,62 para AOL, EG e EGP8, respectivamente, para animais criados em regime exclusivo de pasto, que indicou semelhança da estimativa de herdabilidade da característica AOL para animais *Bos taurus* e *Bos indicus*.

Analisando dados de ultrassom, Figueiredo et al. (2000) encontraram herdabilidades de 0,20 e 0,04 para as características AOL e para EG, respectivamente. Os autores atribuem a baixa herdabilidade encontrada para a característica EG, porque ao contrário dos bovinos europeus, na raça Nelore, a espessura de gordura é muito pequena e os erros de medição tendem a ser maiores com os equipamentos disponíveis.

Ao estimar os parâmetros genéticos para as AOL e EG, feitas por ultrassom, em touros e novilhas da raça Angus, incluindo nas análises informações adicionais de peso a desmama, peso pós-desmama e circunferência escrotal, as herdabilidades encontradas foram de 0,11 para AOL e 0,56 para EGS (Shepard et al., 1996). O baixo valor da herdabilidade verificada para AOL foi atribuído ao modelo touro adotado em que apenas uma progênie por fêmea foi considerada.

Verificou-se que as herdabilidades para a característica AOL em touros e novilhas da raça Angus tendem a aumentar, de acordo com a idade do animal, e a herdabilidade máxima para AOL, medida por meio do ultrassom, seria

encontrada quando tomada em animais aos 12 meses de idade (Hassen et al., 2004).

As estimativas de herdabilidade para AOL, EG e EGP8, tomadas por ultrassonografia, foram de 0,29, 0,50 e 0,39, respectivamente, em dados de 2.590 animais da raça Nelore, entre machos e fêmeas de diferentes propriedades, e idades entre 450 e 599 dias (Yokoo, 2005). Segundo o autor, os resultados encontrados a partir desta população indicam que as características de carcaça possuem alta variabilidade genética, podendo ser incluídas em programas de melhoramento genético e devem responder, rapidamente, à seleção individual.

TABELA 2 Estimativas de herdabilidade (h^2) das características de carcaça medidas por ultrassonografia (animais *in vivo*)

AUTORES	CARACTERÍSTICAS ¹			GRUPO GENÉTICO	METODOLOGIA
	AOL	EG	EGP8		
<i>ARNOLD et al. (1991)</i>	0,25	0,26	-	Hereford	Clássica
<i>JOHNSON et al. (1993)</i>	0,39	0,11	-	Brangus	Clássica
<i>ROBINSON et al. (1993)</i>	0,21	0,30	0,37	Angus & Hereford	Clássica
<i>SHEPARD et al. (1996)</i>	0,11	0,56	-	Angus	Clássica
<i>MOSEER et al. (1998)</i>	0,29	0,11	-	Brangus	Clássica
<i>MIYAKE et al. (1999)</i>	0,53-0,70	0,39-0,62	0,24-0,63	Japanese Black	Bayesiana
	0,50-0,69	0,38-0,61	0,21-0,60		Clássica
<i>HASSEN et al. (2004)</i>	0,40-0,45	-	-	Angus	Clássica
<i>FIGUEIREDO et al. (2000)</i>	0,20	0,04	-	Nelore	Clássica
<i>REVERTER et al. (2000)</i>	0,38-0,42	0,18-0,51	0,31-0,55	Angus & Hereford	Clássica
<i>CREWS & KEMP (2001)</i>	0,54	0,46	-	Compostos taurinos	Clássica
<i>WILSON et al. (2001 a)</i>	0,40	0,56	0,48	Angus	Clássica
<i>WILSON et al. (2001 b)</i>	0,34	0,37	0,36	Angus	Clássica
<i>KEMP et al. (2002)</i>	0,29	0,39	-	Angus	Clássica
<i>STELZLENI et al. (2002)</i>	0,31	0,26	-	Brangus	Clássica
<i>CREWS et al. (2003)</i>	0,37-0,51	0,53-0,69	-	Simental	Clássica
<i>SAINZ et al. (2003)</i>	0,29	0,44	0,62	Nelore	Clássica
<i>BARBOSA (2005)</i>	0,64	0,41	0,65	Nelore	Bayesiana
<i>BERGEN et al. (2005)</i>	0,36	0,31	-	Taurinos	Clássica
<i>YOKOO (2005)</i>	0,29	0,50	0,39	Nelore	Clássica
<i>PITCHFORD et al. (2006)</i>	0,28	-	0,29	Mestiços Hereford	Clássica
<i>LIMA NETO (2007)</i>	0,35	0,05	0,20	Guzerá	Clássica ²
	0,34	0,10	0,32		Clássica ³

¹ AOL = Área de olho de lombo; EG = Espessura de gordura subcutânea entre a 12ª e a 13ª costelas; EGP8 = Espessura de gordura subcutânea medida na picanha; ² Modelo animal em análise univariada; ³ Modelo animal em análise bivariada. (Adaptado de Lima Neto, 2007).

3 MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados, neste estudo, pertencentes ao banco de dados da Associação de Criadores de Guzerá do Brasil (ACGB), foram cedidos pela Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais, sob responsabilidade do Professor Dr. José Aurélio Garcia Bergmann. O procedimento de coleta dos dados das diferentes características de carcaça está discriminado abaixo. Para mais detalhes, consultar Lima Neto (2007).

3.1 Dados

Foram coletados dados de mensurações, em 655 animais, nascidos no período de setembro de 2002 a junho de 2005, puros, de origem da raça Guzerá. As medidas de peso e da carcaça, obtidas por ultrassonografia, foram realizadas em animais com idade média de 18 meses e amplitude entre 10 a 32 meses. O peso médio dos animais, na data da medição, foi de 391 Kg (Tabela 3).

TABELA 3 Número de observações (n), média (μ), erro-padrão (EP), mediana (Md), moda (Mo) e coeficiente de variação (CV) para idade e peso dos animais

Parâmetros	n	μ	EP	Md	Mo	CV(%)
IDADE	947	542	4,35	523	460	24,70
PESO	947	391,45	2,63	386	350	20,69

As medidas foram tomadas nos anos de 2004, 2005 e 2006 e em razão da venda de animais nas fazendas não foi possível obter as medidas, em todas as idades, para todos os animais. Os rebanhos analisados foram oriundos de quatro fazendas do estado de São Paulo: Fazenda Perfeita União (21% dos animais) e Fazenda Alvorada (30%), localizadas no município de Pirajuí; Fazenda Negrinha (9%), do município de Parapuã; e Fazenda São Judas Tadeu (40%), município de Porto Feliz. Nestas fazendas, os tipos de manejo nutricional eram:

Manejo 1 - animais em sistema de pastejo; Manejo 2 - animais em sistema de pastejo com suplementação de volumoso; e Manejo 3 - animais confinados com dietas de alta energia. As regiões das fazendas são, predominantemente tropicais, úmidas com prevalência de plantas forrageiras das famílias *Brachiaria* e *Panicum* spp e precipitação anual média entre 1300 a 1600 mm. Todos os animais tiveram livre acesso à água e suplementação mineral durante todo o período experimental.

Para maior confiabilidade, a organização e depuração dos dados foram realizadas por meio de procedimentos do programa SAS 9.1.3 (SAS Institute, Cary NC - EUA).

Foram gerados 33 grupos de contemporâneos, em função do sexo, ano e fazenda de nascimento, manejo alimentar e data de medição (Tabela 4) e continham no mínimo dois animais por grupo.

TABELA 4 Formação dos grupos de contemporâneos (GC) e respectivas frequências de indivíduos

GC	FREQUÊNCIA	GC	FREQUÊNCIA
1	29	18	113
2	21	19	35
3	8	20	38
4	33	21	84
5	29	22	108
6	13	23	5
7	34	24	20
8	60	25	21
9	25	26	6
10	4	27	3
11	36	28	10
12	2	29	17
13	22	30	7
14	31	31	19
15	22	32	9
16	19	33	15
17	49		

Realizou-se uma análise de detecção de “*outliers*” sobre os dados de mensuração das características avaliadas mediante procedimento PROC UNIVARIATE do programa SAS 9.1.3 (SAS Institute, Cary NC – EUA). Foi calculado o intervalo interquartil (IQR) para os dados e, em seguida, tomado um múltiplo dele como valor de corte para definir os valores que são considerados *outliers*. Este IQR trata-se da diferença entre o terceiro quartil e o primeiro de uma distribuição. É uma medida de dispersão estatística e evita que dados compreendidos como *outliers* possam distorcer qualquer análise estatística baseada em médias ou variâncias. Tomaram-se como observações perdidas aqueles valores com grau de severidade máximo, como descrito por Robin High (2000).

Na matriz de parentesco continha 1.042 animais, em que 387 (67 pais e 320 mães) constituíam a população base, e outros 655 animais com uma, duas ou três observações de mensuração das características área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura na costela (EG) e espessura de gordura na picanha (EGP8), tomadas em idades diferentes.

3.2 Características analisadas

Todas as medidas foram feitas por um único técnico credenciado da Aval Serviços Tecnológicos S/S.

As informações de área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura na costela (EG) e espessura de gordura na picanha (EGP8) foram coletadas em animais vivos sendo feita uma ou mais medidas por animal em diferentes datas. O aparelho utilizado foi o Aloka 500V (Corometrics Medical System, Wallingford, CT) com um transdutor linear de 3,5 MHz com 17,2 cm.

As imagens foram digitalizadas e armazenadas por meio de um sistema de captura de imagem (Blackbox, Biotronics, Ames, IA, USA). A digitalização foi feita pelo programa Image-J (National Institutes of Health, USA). O efeito de

avaliador não foi considerado, para a coleta no campo, por estar confundido com o efeito de fazenda. Com relação ao efeito do técnico de laboratório que fez a interpretação das imagens, este, também, não foi considerado, pois, somente um único técnico constava nos prontuários.

Para a avaliação da característica área de olho de lombo, 943 observações foram mensuradas no músculo *Longissimus thoracis* dos animais; para a espessura de gordura na costela, 907 observações mensuradas no músculo *Longissimus thoracis* a $\frac{3}{4}$ do comprimento ventral do olho de lombo e entre a 12ª e 13ª costelas; e para espessura de gordura na picanha, 917 medidas foram realizadas na junção do músculo *Biceps femoris* e *Gluteus medium* entre o ísquio e o íleo, paralelo à vértebra.

Para a mensuração da característica AOL, o transdutor foi colocado, transversalmente ao animal, no espaço entre a 12ª e a 13ª costelas. O perímetro do músculo *Longissimus thoracis* foi obtido considerando-se as imagens digitalizadas, que analisadas pelo software, resultaram na área do músculo.

Para a medida da espessura de gordura na costela (EG), o transdutor foi colocado, paralelamente à espinha dorsal do animal, entre a 12ª e 13ª costelas. A espessura de gordura na picanha (EGP8) foi mensurada na junção do músculo *Biceps femoris* e *Gluteus medium* entre o ísquio e o íleo. Da mesma forma, as mensurações da espessura de gordura foram feitas por intermédio da marcação das interfaces superior e inferior das camadas de gordura e a mensuração linear feita pelo programa Image-J.

3.3 Modelos ajustados

Foram efetuadas análises univariadas para todas as características avaliadas (AOL, EG e EGP8). As análises foram ajustadas para idade e peso do animal à data da medição, grupo de contemporâneo e efeito de ambiente

permanente para todas as características. Para descrever as observações foram utilizados os seguintes modelos:

a) Modelo poligênico infinitesimal (MPI):

Assumiu-se efeito poligênico infinitesimal e nenhum gene com efeito principal.

$$\underset{\sim}{y} = X \underset{\sim}{\beta} + W \underset{\sim}{u} + \underset{\sim}{e} \quad (1)$$

Em que:

- $\underset{\sim}{y}$ é o vetor das observações;
- X é a matriz de incidência dos efeitos não-genéticos;
- $\underset{\sim}{\beta}$ é um vetor contendo a média geral (μ) e todos os efeitos não-genéticos, afetando as características de interesse: *idade do animal*, na data da medição, é normal e independentemente distribuída - NID $\sim (0, \sigma^2_{ida})$; *peso do animal* na data da medição é NID $\sim (0, \sigma^2_{peso})$, *grupo de contemporâneo* (sexo, ano de nascimento, fazenda de nascimento, manejo alimentar e data de medição) é NID $\sim (0, \sigma^2_{gc})$ e *efeito de ambiente permanente* é NID $\sim (0, \sigma^2_{ep})$;
- W é a matriz de incidência dos efeitos aleatórios genéticos diretos;
- $\underset{\sim}{u}$ é o vetor dos efeitos aleatórios dos valores genéticos diretos do animal, é NID $\sim (0, A\sigma^2_u)$, cuja A é a matriz de relação genética aditiva entre os animais;
- $\underset{\sim}{e}$ é o vetor dos erros associados a cada observação, é NID $\sim (0, \sigma^2_e)$.

b) Modelo poligênico finito (MPF):

Para se ajustar um número finito de locos poligênicos foi utilizado o modelo:

$$\underset{\sim}{y} = \underset{\sim}{X} \underset{\sim}{\beta} + \sum_K^{N_{GEP}} \underset{\sim}{Z}_{GEP} \underset{\sim}{\alpha}_{GEP,K} + \underset{\sim}{e} \quad (2)$$

Em que:

Os efeitos $\underset{\sim}{y}$, $\underset{\sim}{X}$, $\underset{\sim}{\beta}$ e $\underset{\sim}{e}$ são os mesmos, como definidos no modelo (1);

- $\underset{\sim}{Z}_{GEP}$ é uma matriz de incidência que conecta as informações fenotípicas ao GEP. É tipicamente não conhecida, uma vez que os genótipos dos indivíduos não são conhecidos, entretanto, esta matriz é inferida com base no pedigree e fenótipo (indicadores de segregação). É assumido que o loco de GEP seja bialélico, permitindo três genótipos distintos (AA, Aa e aa) e tendo valores genotípicos iguais a $+a$, d e $-a$, respectivamente. A dimensão da matriz $\underset{\sim}{Z}$ depende do número de GEPs no modelo.
- N_{GEP} é o número de genes de efeito principal. Este número é considerado uma variável aleatória e se faz inferência sobre sua distribuição com base em dados analisados.
- $\underset{\sim}{\alpha}_{GEP,K}$ é um vetor bidimensional $[a_K \ d_K]'$ para o $k^{\text{ésimo}}$ gene de efeito principal (GEP), isto é, aqui foram ajustados os efeitos aditivos (a) e de dominância (d).

c) Modelo poligênico infinitesimal (MPI) combinado com modelo poligênico finito (MPF):

$$\underset{\sim}{y} = \underset{\sim}{X} \underset{\sim}{\beta} + \underset{\sim}{W} \underset{\sim}{u} + \sum_K^{N_{GEP}} \underset{\sim}{Z}_{GEP} \underset{\sim}{\alpha}_{GEP,K} + \underset{\sim}{e} \quad (3)$$

Em que todos os efeitos são definidos como anteriormente nos modelos (1 e 2). Neste modelo assumiu-se efeito poligênico infinitesimal e, no máximo 15 locos de genes de efeito principal (GEPs), que expliquem a variância genética observada.

3.4 Distribuições adotadas a priori

Para as variáveis não genéticas, como a idade do animal na data da medição, grupo de contemporâneo, peso do animal na data da medição e ambiente permanente, assumiu-se, à *priori*, que as mesmas seguem uma distribuição normal e independentemente distribuída (NID). A variância dessa distribuição Normal é desconhecida e segue uma distribuição Qui-Quadrado (χ^2) escalonada invertida (Sorensen & Gianola, 2002). No caso da média geral, a média da distribuição Normal foi dependente dos dados: $\hat{\mu} = y = \frac{1}{n} \sum_i^n y_i$.

A distribuição a *priori* para a variância do erro (σ_e^2) segue uma distribuição Qui-Quadrado (χ^2) escalonada invertida. Sendo A a matriz da relação genética aditiva, dado o conhecimento do pedigree dos animais, então, a distribuição a *priori* para os efeitos poligênicos pode ser dada por:

$$u \mid A\sigma_u^2 \sim N(0, A\sigma_u^2) \quad (4)$$

Em que (σ_u^2) é a variância genética poligênica com distribuição Qui-Quadrado (χ^2) escalonada invertida. Os efeitos aditivos e de dominância do GEP

seguem uma distribuição Normal univariada, cuja variância é dependente do conjunto de dados e do número de GEPs no modelo, como proposto por YI (2004) e YI et al. (2005). Considerando $\hat{\sigma}_y^2 = \frac{1}{n} \sum_i^n (y_i - \bar{y})^2$ como a estimativa da variância fenotípica da característica, então:

$$p(\alpha) \sim N(0, \sigma_{\alpha(N_{GEP})}^2) \quad (5)$$

Em que $\sigma_{\alpha(N_{GEP})}^2 = \sigma_\alpha^2 / N_{GEP}$ e $\sigma_\alpha^2 / (2x\hat{\sigma}_y^2) \sim \beta(2,30)$, considerando efeito bialélico do gene. Isso implica que a variância da distribuição Normal diminui à medida que o número de genes no modelo aumenta e vice-versa.

3.5 Distribuição conjunta a posteriori

Considerando P como as informações de pedigree e $\theta = (\beta, u, \alpha_{GEP}, \sigma_e^2)$, então, a distribuição conjunta a posteriori dos efeitos desconhecidos pode ser escrita como (omitindo as matrizes X e Z):

$$\underbrace{p(\theta, f_\alpha, N_{GEP}, Z | y, P)}_{1^\circ} \propto \underbrace{p(y | \theta, Z)}_{2^\circ} \underbrace{p(Z | f_\alpha, N_{GEP}, P) p(\theta, N_{GEP})}_{3^\circ} \quad (6)$$

Em que o primeiro termo é a distribuição condicional do fenótipo, dado todos os termos desconhecidos do modelo 3; o segundo termo é a distribuição de probabilidades dos genótipos dos GEPs condicional ao número de GEPs, a frequência alélica e as informações de pedigree; e o terceiro termo é a distribuição de probabilidade conjunta à priori das variáveis do modelo.

3.6 Estimação dos parâmetros estudados por inferência bayesiana

Considerou-se $p(\theta, y)$ como a probabilidade conjunta dos parâmetros do modelo (θ) e dos dados (y) (verossimilhança). Os termos $p(y)$ e $p(\theta)$

representam a distribuição marginal dos dados e do conjunto dos parâmetros, respectivamente. $p(\theta | y)$ e $p(y | \theta)$ representam, respectivamente, a distribuição condicional dos parâmetros haja visto os dados e a distribuição dos dados relacionado aos parâmetros. Assim, a distribuição da probabilidade conjunta de θ e y é:

$$p(\theta, y) = p(y)p(\theta | y) \quad (7)$$

$$p(\theta, y) = p(\theta)p(y | \theta) \quad (8)$$

A combinação de (7) e (8) leva a $p(\theta | y) = p(\theta)p(y | \theta) / p(y)$. A distribuição marginal dos dados, $p(y)$ após a observação dos dados, é uma constante fixa e a distribuição condicional se torna proporcional à:

$$p(\theta | y) \propto p(\theta)p(y | \theta) \quad (9)$$

Essa equação (9) é conhecida como o teorema de Bayes (Bayes, 1763) no qual a probabilidade à *posteriori* é proporcional ao produto da probabilidade à *priori* com a verossimilhança dos dados.

Para a distribuição condicional das observações (Y), foi assumida a distribuição Normal e, quando combinada com as distribuições *a priori*, foi obtida a distribuição *a posteriori* conjunta de todos os parâmetros de interesse. Uma vez que esta distribuição conjunta não possui forma padrão conhecida e é intratável computacionalmente, amostras marginais da distribuição condicional foram geradas pelo método de Monte Carlo por via da Cadeia de Markov (MCMC) (Gelman et al., 2004). Na simulação MCMC, o amostrador de Gibbs foi usado para obter amostras das distribuições marginais das variáveis aleatórias. O N_{GEP} foi adicionado como variável não conhecida por via do

algoritmo “*Reversible Jump Sampler (Metropolis-Hastings)*” descrito por Green (1995).

Em cada análise da MCMC (Markov Chain Monte Carlo), considerando-se uma única cadeia de Markov, via amostrador de Gibbs e Reversible Jump Sampler (Metropolis-Hastings) (Green 1995), o número de ciclos de amostragem foi 1.500.000. O período de descarte amostral foi de 7,5 mil ciclos (amostras). A cada 20 ciclos, a amostra foi salva. Portanto, foram aproveitadas para análise 67,5 mil amostras das distribuições *a posteriori* dos parâmetros. Na aplicação desta metodologia Bayesiana, utilizou-se o software FlexQTLTM. (Bink, M. C. A. M., Versão 0.98, Wageningen, 2009) desenvolvido considerando-se estudos descritos por Uimari & Sillanpää (2001).

3.7 Análises computacionais *a posteriori*

Estimativas de alguns parâmetros das distribuições *a posteriori* estão sujeitos a erros de amostragem de Monte Carlo, os quais podem ser reduzidos por meio do alongamento das cadeias. As variâncias de Monte Carlo podem ser computadas usando séries temporais.

Foram consideradas n amostras (possivelmente correlacionadas), segundo a Cadeia de Markov X_1, X_2, \dots, X_n . Os X 's podem representar as amostras da distribuição marginal *a posteriori* dos valores genéticos aditivos, das variâncias genética aditiva ou uma função delas. Um estimador da média é:

$\hat{u} = \sum_{i=1}^{i=n} x_i$. O estimador da variância de Monte Carlo de \hat{u} , $\text{var}(\hat{u})$, baseado em

séries temporais e obtido a seguir. O estimador da lag-t autocovariância é:

$$\hat{\gamma}(t) = \frac{\sum_{i=1}^{i=n-1} [(x_i - \hat{u})(x_{i+t} - \hat{u})]}{n} . \text{Então, } \text{var}(\hat{u}) = \frac{[\hat{\gamma}(\phi) + 2 \sum_{i=1}^{i=2\delta+1} \hat{\gamma}(i)]}{n} \text{ em que } \delta$$

é escolhido de forma que seja um maior valor inteiro satisfazendo $[\hat{\gamma}(2\delta)+$

$\hat{\gamma}(2\delta+1)] > 0$, $\delta=0, 1, \dots$ se as amostras forem independentes, $\text{var}(\hat{\mu}) = \hat{\gamma}(\phi)/n$.

Uma ideia do efeito da autocorrelação dos valores gerados pelo amostrador de Gibbs pode ser obtida, por meio do cálculo do tamanho efetivo da cadeia

$\hat{\psi} = \frac{\hat{\gamma}(\phi)}{\text{var}(\hat{\mu})}$. Quando os elementos da cadeia de Gibbs são independentes,

$\hat{\psi} = n$, o tamanho efetivo da cadeia (verdadeiro) e gerado são iguais.

3.8 Amostragem dos genótipos dos genes no MPF

Os genótipos para um loco foram determinados, conjuntamente, segundo os alelos da população fundadora (com pais desconhecidos) e por indicadores de segregação de indivíduos não-fundadores (com pais conhecidos), com os locos da população fundadora em equilíbrio de ligação e Hardy-Weinberg (Costa, 2008; Gonçalves, 2003). Os indicadores de segregação descrevem unicamente o fluxo gênico, tomando-se por base o pedigree e a implementação foi similar à descrita por Uimari & Sillanpää (2001) e Bink et al. (2002).

3.9 Diagnóstico de convergência e seleção de modelos

As inferências obtidas da distribuição conjunta a *posteriori* são usadas para calcular distribuições marginais a *posteriori* das variáveis de interesse. A análise Bayesiana permite utilizar dados contendo estrutura desbalanceada e estudar a seleção de modelos complexos. O número da seleção de modelos irá depender da qualidade e quantidade de informações (dados) disponíveis, na ausência dessas, a inferência a *posteriori* será reflexo dos conhecimentos a *priori*.

As estratégias que podem ser seguidas, após terem sido geradas as amostras via Amostrador de Gibbs, podem afetar o grau de correlação entre as

amostras geradas. Isso influencia a estimação da variância de Monte Carlo da cadeia e sua taxa de convergência (Costa, 2008).

Na prática, a convergência é demonstrada, graficamente, ou usando um teste formal. Alguns critérios têm sido sugeridos como diagnóstico de convergência. A maioria deles, se não todos, pode fornecer evidências negativas de que o número de ciclos implementados não foi suficiente. Porém, até o momento não é possível encontrar uma garantia empírica e positiva que a cadeia seja longa o suficiente. O amostrador de Gibbs pode gerar muitas iterações para certa região, que resulta na impressão de que há convergência, logo, passa para outra região. Além disso, as amostras geradas podem fornecer a impressão de que a convergência foi atingida, embora a distribuição a *posteriori* seja imprópria não permitindo inferências sobre as mesmas (Costa, 2008).

Em geral, é aconselhável gerar cadeias muito longas para se conseguir a convergência. Adotou-se, como critério de convergência, o Tamanho Efetivo da Cadeia (TEC), acima de 100, pois, segundo Sorensen (1995), este é um número, suficientemente grande, para alcançar a convergência.

3.10 Número de genes de efeito principal

Considerou-se o número de GEP (N_{GEP}) como sendo uma variável aleatória e sua distribuição foi inferida, com base em dados (*Reversible Jump Sampler - Metropolis-Hastings*), similar ao que foi feito nos trabalhos de Bink et al. (2002), Gonçalves (2003) e Costa (2008). Presumiu-se a distribuição de Poisson com média λ , para os modelos 2 e 3 e características AOL, EG, e EGP8.

As estimativas e probabilidades marginais a *posteriori*, para o número de GEPs, bem como o Fator de Bayes obtidos, permitem a realização de inferências sobre a presença de genes de efeito principal afetando uma característica em particular.

O fator de Bayes (Kass, 1993; Kass & Raftery, 1995), corresponde à relação das probabilidades do número de locos, influenciando uma característica em questão (exemplo: razão das probabilidades de um e dois locos influenciando a característica, o resultado positivo confirma a evidência do número de locos correspondente ao numerador, se negativo, o denominador é o número de locos responsável pela variação na característica) (Costa, 2008).

TABELA 5 Interpretação dos fatores de Bayes (Kass & Raftery, 1995)

Fator de Bayes ¹	Evidência contra o modelo ²
0,0 – 2,0	BAIXO
2,0 – 5,0	POSITIVO
5,0 – 10,0	FORTE
>10,0	DECISIVO

¹ Duas vezes o logaritmo natural (2ln) do Fator de Bayes é a razão de verossimilhança.

² Modelo considerando nenhum GEP.

Como o N_{GEP} foi adicionado como variável não conhecida, foram permitidas mudanças na dimensão do modelo, isto é, aumento ou diminuição dos números de GEP. As probabilidades propostas, para aumento ou decréscimo, foram iguais a 0 e 0,40, em um dado ciclo na cadeia de Markov, se não há aumento ou diminuição, foi proposto que todas as variáveis no modelo fossem atualizadas.

3.11 Parâmetros genéticos

As inferências sobre as distribuições *a posteriori* das herdabilidades (h^2) foram obtidas com base nas amostras de Gibbs dos componentes de variância.

Para o modelo 1 (MPI), a h^2 foi calculada, considerando a variância poligênica (σ_{MPI}^2), a variância de ambiente permanente (EP) (σ_{EP}^2), idade à

mensuração (σ_{IDD}^2), peso à mensuração (σ_{PES}^2), grupo de contemporâneos (σ_{GC}^2) e a variância do erro:

$$h^2 = \frac{\sigma_{MPI}^2}{\sigma_{MPI}^2 + \sigma_{EP}^2 + \sigma_{IDD}^2 + \sigma_{PES}^2 + \sigma_{GC}^2 + \sigma_e^2} \quad (10)$$

Na h^2 , calculada no modelo 2 (MPF), considerou-se a variância genética aditiva (σ_a^2) como numerador, a variância oligogênica (σ_{MPF}^2) e as demais variâncias citadas para o modelo 1 como denominador:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_{MPF}^2 + \sigma_{EP}^2 + \sigma_{IDD}^2 + \sigma_{PES}^2 + \sigma_{GC}^2 + \sigma_e^2} \quad (11)$$

Para o modelo 3 (MPI+MPF), foram consideradas as variâncias poligênica e oligogênica, em análise simultânea, obtendo duas estimativas independentes de herdabilidade, uma poligênica (12) e outra oligogênica (13):

$$h_{MPI}^2 = \frac{\sigma_{MPI}^2}{\sigma_{MPI}^2 + \sigma_{MPF}^2 + \sigma_{EP}^2 + \sigma_{IDD}^2 + \sigma_{PES}^2 + \sigma_{GC}^2 + \sigma_e^2} \quad (12)$$

$$h_{MPF}^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_{MPI}^2 + \sigma_{MPF}^2 + \sigma_{EP}^2 + \sigma_{IDD}^2 + \sigma_{PES}^2 + \sigma_{GC}^2 + \sigma_e^2} \quad (13)$$

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os números de observações, médias, erros-padrões, medianas, modas, variâncias e coeficientes de variação, para as características AOL, EG e EGP8, avaliadas, por meio de ultrassonografia, em animais da raça Guzerá, em idade média de 18 meses, são apresentados na Tabela 6.

Os valores médios das características AOL, EG e EGP8, mensuradas por meio de ultrassonografia, não são valores discrepantes aos observados na literatura para animais zebuínos, embora mensuradas em diferentes idades (Prado et al., 2004; Silva et al., 2003, Suguisawa, 2002; Lima Neto, 2007; Yokoo, 2005).

TABELA 6 Número de observações (n), médias (μ), erros-padrões (EP), medianas (Md), modas (Mo), variâncias (Var) e coeficientes de variação (CV) das características estudadas¹

Características	n	μ	EP	Md	Mo	Var	CV(%)
<i>AOL (cm²)</i>	943	58,17	0,36	57,57	54,71	124,03	19,14
<i>EG (mm)</i>	907	2,36	0,02	2,24	1,79	0,51	30,43
<i>EGP8 (mm)</i>	917	3,36	0,04	3,14	2,69	1,87	40,78

¹ Área de olho de lombo (AOL), Espessura de gordura na costela (EG) e Espessura de gordura na picanha (EGP8).

Percebe-se que o valor da mediana é próximo ao valor médio em todas as características. Comprova-se que os dados observados de todas as características são normalmente distribuídos.

Por meio dos valores modais observados, para as características de cobertura de acabamento (EG e EGP8), na Tabela 6, nota-se que muitos animais não atingiam o grau de espessura mínima de gordura na costela (EG) preconizado para o abate, que é de 3 mm. Tal situação observada é, possivelmente, explicada visto que os animais, na ocasião da mensuração da característica, eram muito jovens, com idade média de 18 meses (Tabela 3).

Nesta idade a característica, ainda, não havia sido manifestada na sua integralidade, não sendo, portanto, o momento ideal para a verificação das mesmas.

Observou-se variância de 124,03 cm², 0,51 mm² e 1,87 mm² para as características AOL, EG e EGP8, respectivamente (Tabela 6). Estes valores indicam maior variabilidade na população estudada, para as características AOL e EGP8, explicados, novamente, pela manifestação antecipada destas características em relação à EG, que apresenta deposição tardia.

Foram observados, para as características EG e EGP8, maiores valores dos coeficientes de variação (Tabela 6). Estes valores estão associados a um maior erro de mensuração destas características. Dificuldades de mensuração das características EG e EGP8 são, também, notificadas na literatura em animais criados a pasto da raça Nelore, cujos coeficientes de variações, para estas características, foram de 30,62% e 39,18%, respectivamente (Barbosa, 2005).

4.1 Diagnóstico de convergência e seleção de modelos

Na Tabela 7 são apresentados os componentes da variância *a posteriori* e respectivos tamanhos efetivos das cadeias (TEC), quando ajustados os modelos poligênico infinitesimal (MPI), modelo poligênico finito (MPF) e o modelo combinado (MPF + MPI) às observações das características AOL, EG e EGP8.

Em todos os modelos ajustados, exceto os modelos MPF e MPF + MPI para a característica EG, o tamanho efetivo da cadeia foi superior a 100. Isso significa que as cadeias convergiram, propiciando inferências confiáveis dos componentes da variância verificados, baseando-se no ajuste destes modelos (Sorensen, 1995).

Para todas as características analisadas, apesar de ser observada diminuição das variâncias poligênica (σ_{MPI}^2) e oligogênica (σ_{MPF}^2) no modelo

combinado, nota-se que o valor das σ_{MPF}^2 sobrepõem o valor das σ_{MPI}^2 . Isso sugere a presença de GEPs associados à variação dessas características.

Com exceção da característica EG, as variâncias residuais observadas, quando o modelo combinado foi ajustado, foram as menores, que reforça a boa qualidade de ajuste do modelo combinado e a realização de inferências seguras a respeito do controle genético das características AOL e EGP8.

Considerando a característica EG, apesar de o modelo combinado alcançar TEC inferior a 100, apenas para o componente de variância residual, este fato impediu a realização de inferências para esta característica quando ajustado este modelo. Portanto, a característica EG, ainda, deve ser analisada, segundo o modelo poligênico infinitesimal, pois, foi o único que alcançou convergência da cadeia ($TEC > 100$) para todos os componentes de variância preditos.

TABELA 7 Componentes da variância a *posteriori* e respectivos tamanhos efetivos das cadeias (TEC), entre parênteses, quando ajustados os modelos poligênico infinitesimal (MPI), poligênico finito (MPF) e combinado (MPF+MPI) para as características de carcaça¹

Características		AOL (cm^2)			EG (mm)			EGP8 (mm)		
		MPI	MPF	MPF+MPI	MPI	MPF	MPF+MPI	MPI	MPF	MPF + MPI
Componentes ²	σ_{MPI}^2	36,53 (3144)		23,14 (204)	0,12 (2782)		0,02 (185)	0,62 (8317)		0,42 (142)
	σ_{MPF}^2		35,32 (1521)	29,57 (564)		0,42 (9)	0,30 (538)		0,91 (242)	0,72 (323)
	σ_r^2	21,36 (5804)	21,10 (889)	10,56 (549)	0,28 (3965)	<0,00 (26)	0,08 (96)	0,67 (9272)	0,33 (159)	0,13 (145)

¹ Área de olho de lombo (AOL), Espessura de gordura na costela (EG) e Espessura de gordura na picanha (EGP8).

² σ_{MPI}^2 - Variância poligênica do modelo; σ_{MPF}^2 - Variância oligogênica do modelo; σ_r^2 - Variância residual.

4.2 Detecção de genes de efeitos principais

Estimativas *a posteriori* para o número de genes de efeito principal (GEP) nos diferentes modelos ajustados, para as características de carcaça AOL e EGP8, são apresentadas na Tabela 8. Observa-se que o número de GEPs, estimados para as características AOL e EGP8, é semelhante quando ajustados os modelos MPF e combinado (MPF + MPI).

TABELA 8 Estimativas *a posteriori* do número de genes de efeito principal (N_{GEP}), variância residual (σ_r^2) e respectivos tamanhos efetivos das cadeias (TEC_{NGEP} e $TEC \sigma_r^2$) quando ajustados os modelos poligênico finito (MPF) e o modelo combinado (MPF + MPI), para as características área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura na picanha (EGP8)

Características	Modelos	
	MPF	MPF + MPI
AOL (cm^2)		
N_{GEP}	3	3
TEC_{NGEP}	679	164
σ_r^2	21,10	10,56
$TEC \sigma_r^2$	889	549
EGP8 (mm)		
N_{GEP}	2	2
TEC_{NGEP}	76	205
σ_r^2	0,33	0,13
$TEC \sigma_r^2$	159	145

Assim, como as estimativas para N_{GEP} foram semelhantes nos dois modelos ajustados e as variâncias residuais para o modelo combinado foram menores, ressalta-se, ainda mais, a preferência pelo ajuste com o modelo combinado.

Considerando a característica AOL, os dois modelos ajustados estimaram três GEPs afetando essa característica. Para EGP8 observou-se, em

ambos os modelos, que dois GEPs explicariam a variação genética desta característica. Contudo, embora haja uma igualdade na estimativa do número de genes, afetando a característica EGP8, quando ajustados os dois modelos, o TEC_{NGEP} para a característica EGP8, quando ajustado o modelo MPF, foi inferior a 100. Isso reforça a confiabilidade da estimativa ajustada com o modelo combinado.

As probabilidades *a posteriori* para o número de GEPs, afetando as características de carcaça, considerando o modelo MPF e o modelo combinado (MPF + MPI), são apresentadas nas Tabelas 9 e 10, respectivamente. Maiores valores das densidades de probabilidades *a posteriori* correspondem ao número de GEPs para as características consideradas.

Dessa forma, percebe-se que, quando ajustados os modelos MPF (Tabela 9) e MPF + MPI (Tabela 10), para a característica AOL, as maiores probabilidades *a posteriori* concentram-se em torno de três GEPs. Para a característica EGP8, as maiores probabilidades *a posteriori* (Tabelas 9 e 10) confirmam a existência de dois GEPs responsáveis pela variabilidade genética desta característica.

Os fatores de Bayes, para a evidência de GEPs, afetando as características AOL e EGP8, considerando o ajuste dos modelos MPF e combinado (MPF+MPI), são apresentados nas Tabelas 11 e 12, respectivamente.

Considerando a característica AOL e o modelo MPF (Tabela 11), verifica-se a evidência decisiva de pelo menos um GEP, e evidência positiva de até três GEPs atuando sobre esta característica. Com o ajuste do modelo combinado (MPF + MPI) (Tabela 12), verifica-se forte evidência de pelo menos um GEP e evidência positiva de até três GEPs para a característica AOL. Conclui-se, assim, a existência de três genes de efeito principal que explicam grande parte da variância genética da característica AOL que, também, foi evidenciado nas Tabelas 8, 9 e 10.

TABELA 9 Probabilidades marginais a *posteriori* do número de GEPs para as características Área de olho de lombo (AOL) e Espessura de gordura na picanha (EGP8), considerando o modelo poligênico finito (MPF)

GEP	0	1	2	3	4	5	6	7	8 ... 15
Priori	0,37	0,37	0,18	0,06	0,01	0	0	0	0
Características	Probabilidade a Posteriori								
AOL (cm²)	0	0,016	0,242	0,427	0,224	0,070	0,017	0,004	0
EGP8 (mm)	0	0	0,774	0,213	0,013	0	0	0	0

TABELA 10 Probabilidades marginais a *posteriori* do número de GEPs para as características Área de olho de lombo (AOL) e Espessura de gordura na picanha (EGP8), considerando o modelo combinado (MPF + MPI)

GEP	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9 ... 15
Priori	0,37	0,37	0,18	0,06	0,01	0	0	0	0	0
Características	Probabilidade a Posteriori									
AOL (cm²)	0,001	0,092	0,332	0,304	0,163	0,065	0,026	0,005	0,002	0
EGP8 (mm)	0	0,002	0,889	0,091	0,013	0,001	0	0	0	0

Considerando-se os fatores de Bayes (Tabelas 11 e 12), verifica-se evidência decisiva de dois GEPs para a característica EGP8, tanto para o modelo MPF (28,5), quanto para o modelo combinado (14,0). A presença de dois GEPs, para EGP8, também, já havia sido verificada na Tabela 8 (estimativas a *posteriori* para N_{GEP}) e nas Tabelas 9 e 10 por meio das probabilidades marginais a *posteriori*.

TABELA 11 Fator de Bayes¹ para as características de carcaça² considerando o modelo poligênico finito (MPF)

Características	Evidências								
	1/0 ³	2/1	3/2	4/3	5/4	6/5	7/6	8/7 ...	15/14
AOL (cm ²)	19,3	6,9	3,3	1,5	0,9	0,7	1,0		ND
EGP8 (mm)	ND	28,5	-0,4	-2,8	-3,9	ND	ND		ND

¹ Duas vezes o logaritmo natural (2ln) do fator de Bayes é a razão da verossimilhança.

² Área de olho de lombo (AOL) e Espessura de gordura na picanha (EGP8).

³ Evidência de 1 GEP no modelo versus 0 GEP no modelo: 0 a 2= baixo; 2 a 5= positivo; 5 a 10= forte; >10=decisivo; ND=não disponível devido a insuficiência de amostras MCMC; valores negativos indicam evidência de GEP indicado pelo denominador da razão.

TABELA 12 Fator de Bayes¹ para as características de carcaça² considerando o modelo combinado (MPF+MPI)

Características	Evidências								
	1/0 ³	2/1	3/2	4/3	5/4	6/5	7/6	8/7 ...	15/14
AOL (cm ²)	8,6	4,0	2,0	1,5	1,4	1,7	0,7		ND
EGP8 (mm)	ND	14,0	-2,4	-1,1	-2,9	ND	ND		ND

¹ Duas vezes o logaritmo natural (2ln) do fator de Bayes é a razão da verossimilhança.

² Área de olho de lombo (AOL) e Espessura de gordura na picanha (EGP8).

³ Evidência de 1 GEP no modelo versus 0 GEP no modelo: 0 a 2= baixo; 2 a 5= positivo; 5 a 10= forte; >10=decisivo; ND=não disponível devido a insuficiência de amostras MCMC; valores negativos indicam evidência de GEP indicado pelo denominador da razão.

Os genes de efeitos principais aqui detectados, sendo um número reduzido de genes, podem auxiliar e aumentar a confiabilidade na detecção de regiões cromossômicas que expliquem e controlam a expressão fenotípica destas características, facilitando as pesquisas de validação de marcadores moleculares para a raça Guzerá. Uma vez validados estes marcadores nessa raça, a seleção

assistida por marcadores moleculares, para essas características de carcaça, pode ser justificada.

Os GEPs, detectados para as características AOL e EGP8 nesta população, bem como GEPs relatados na literatura, em outras espécies animais, podem estar associados a alguns genes específicos como o da obesidade (Leptina) e do hormônio do crescimento (GH). Algumas pesquisas relatam a associação de polimorfismos no gene da obesidade (Leptina) à variação da característica espessura de gordura subcutânea em bovinos (Fitzsimmons et al., 1998; Buchanan et al., 2002) e, também, à variação em características de deposição muscular como a área de olho de lombo (Tessane et al., 1999). Da mesma forma, polimorfismos em genes do hormônio do crescimento (GH) são associados a variações no desenvolvimento e deposição de tecido muscular, afetando características da carcaça como a área de olho de lombo em taurinos e zebuínos.

4.3 Herdabilidades e modo de ação gênica

As herdabilidades calculadas, para as características de carcaça estudadas, ao ajustar os diferentes modelos, são apresentadas na Tabela 13. Quando o modelo combinado é ajustado, as herdabilidades da fração poligênica e oligogênica são obtidas simultânea e independentemente, de forma que o ajuste para a fração poligênica não interfira no ajuste da fração oligogênica e vice versa. Esse procedimento justifica os menores erros residuais encontrados para o modelo combinado (Tabela 7).

Geralmente, quando o modelo oligogênico, que considera a presença de GEPs, para as características, é incluído em um modelo combinado, a variância poligênica tende a diminuir e, em consequência, a herdabilidade poligênica. Foi verificado, neste estudo, que as herdabilidades poligênicas ajustadas com o

modelo combinado (MPF + MPI) foram menores que aquelas ajustadas com o modelo infinitesimal (MPI).

Considerando o modelo mais adequado, para a análise genética das características estudadas, verifica-se que a herdabilidade para a característica AOL, quando ajustado o modelo combinado, foi de 0,15 e 0,10 para as frações poligênica e oligogênica, respectivamente (Tabela 13).

A herdabilidade de 0,17 foi verificada para a característica EG, quando o modelo poligênico (MPI) foi ajustado. Para a característica EGP8, considerando o melhor ajuste do modelo combinado, estimou-se herdabilidade de 0,19 para a fração poligênica e 0,13 para a fração oligogênica (Tabela 13).

TABELA 13 Médias *a posteriori* para o efeito aditivo (a) e de dominância (d), e componentes de variância aditiva (σ_a^2), de dominância (σ_d^2), oligogênica (σ_{MPF}^2), poligênica (σ_{MPI}^2), residual (σ_r^2), fenotípica (σ_p^2), e herdabilidades poligênica (h^2_{MPI}) e oligogênica (h^2_{MPF}), quando ajustados nos modelos poligênico infinitesimal (MPI), modelo poligênico finito (MPI) e o modelo combinado (MPF + MPI), para as características de carcaça¹

Características	AOL			EG	EGP8		
	MPI	MPF	MPF+MPI	MPI	MPI	MPF	MPF+MPI
Componentes							
σ_{MPF}^2		35,32	29,57			0,91	0,72
σ_{MPI}^2	39,53		23,14	0,12	0,62		0,42
σ_p^2	163,26	149,88	156,71	0,70	2,72	2,19	2,23
h^2_{MPI}	0,24		0,15	0,17	0,23		0,19
h^2_{MPF}		0,16	0,10			0,27	0,13
<i>a</i>		10,38	9,93			2,31	1,97
<i>d</i>		-5,21	-7,45			-1,78	-2,19
σ_a^2		24,67	15,78			0,60	0,30
σ_d^2		10,66	12,03			0,31	0,43

¹ Área de olho de lombo (AOL), Espessura de gordura na costela (EG) e Espessura de gordura na picanha (EGP8).

As magnitudes das herdabilidades observadas, para todas as características, são moderadas (Tabela 13), que indica que a seleção, para as mesmas, pode resultar em consideráveis ganhos nas futuras gerações. Como já discutido anteriormente, para as características AOL e EGP8 onde genes de efeito principal foram detectados, a seleção assistida por marcadores é justificada, porém, também foi evidenciado efeito poligênico, explicando parte da variação destas características. Portanto, o método de seleção tradicional (clássica), baseado no efeito poligênico infinitesimal e a seleção assistida por marcadores devem ser empregados, simultaneamente, na seleção das características AOL e EGP8 e, assim, obter melhores respostas a seleção. Para a característica EG, o fato da não detecção de GEPs justifica a aplicação de métodos de seleção clássica para o melhoramento dessa característica.

Considerando o modo de ação gênica, para a característica AOL, observa-se, pelos valores médios, que o valor genotípico (a) e variância aditiva (σ_a^2) são superiores ao valor genotípico (d) e variância. Em virtude do desvio de dominância (σ_d^2), quando se ajustaram os modelos MPF e MPF + MPI (Tabela 13), que caracteriza um grau médio de dominância parcial, para esta característica, efeito este observado para a maioria das características com variação quantitativas.

Para a característica EGP8, considerando o modelo combinado, nota-se que o valor genotípico (d) é superior ao valor genotípico (a), caracterizando um grau médio de sobredominância para esta característica.

São observados valores negativos para o valor genotípico d . Como a ação do tipo dominância está associada a interações alélicas intra loco, a explicação para tais valores negativos é que esta interação pode fazer com que o valor genotípico do heterozigoto contribua, negativamente, para a expressão

fenotípica da característica. No caso de cruzamentos entre raças, esse efeito pode diminuir a espessura de gordura na picanha da progênie.

Ainda em relação ao modo de ação gênica, as médias *a posteriori*, ajustadas por loco, dos valores genotípicos e variâncias genéticas aditivas e de dominância, ajustando-se os modelos poligênico finito (MPF) e combinado (MPF + MPI), são apresentados nas Tabelas 14 e 15 para as características AOL e EGP8, respectivamente.

TABELA 14 Estimativas médias *a posteriori* para o efeito aditivo (a) e de dominância (d), variâncias genética aditiva (σ_a^2) e de dominância (σ_d^2), para os quinze genes de efeito principal (GEPs) considerados no modelo poligênico Finito (MPF) e combinado (MPF + MPI), para a característica área de olho de lombo (AOL)

	Modelos							
	MPF				MPF + MPI			
	Componentes				Componentes			
	σ_a^2	σ_d^2	a	d	σ_a^2	σ_d^2	a	d
GEP								
1	5,4841	2,5117	3,1576	-1,5941	3,4492	2,4567	2,2506	-1,6820
2	5,3173	2,2562	2,9701	-1,7927	3,1166	2,0270	1,9112	-1,6979
3	5,2597	2,3174	3,0258	-1,7567	2,8600	2,1845	1,8541	-1,5272
4	4,9537	2,0470	0,7164	-0,0603	2,7105	2,2309	2,0718	-1,3094
5	2,2031	0,9033	0,5441	-0,1655	2,0251	1,8384	0,6028	-0,6289
6	0,9917	0,4128	0,1620	-0,0553	1,8737	1,2230	1,1570	-0,8718
7	0,2242	0,1166	-0,0873	0,1265	0,0691	0,0529	0,0044	0,0844
8	0,1716	0,0741	-0,1028	0,0823	0,0268	0,0083	-0,0152	0,0312
9	<10 ⁻⁴	<10 ⁻⁴	<10 ⁻⁴	<10 ⁻⁴	0,0192	0,0192	0,0266	0,0036
10	0	0	0	0	0,0170	0,0170	-0,0011	0,0381
11	0	0	0	0	0,0111	0,0111	0,0046	0,0249
12	0	0	0	0	0,0062	0,0062	-0,0042	0,0187
13	0	0	0	0	0,0021	0,0021	0,0008	0,0660
14	0	0	0	0	0,0018	0,0018	-0,0071	0,0018
15	0	0	0	0	0,0004	0,0004	0,0010	0,0026

Considerando a variância genética aditiva média, para a característica AOL (Tabela 13) e os três GEPs, detectados para a mesma (Tabelas 8 a 12), verifica-se que as variâncias aditivas, observadas para os três locos com maior contribuição (Tabela 14), explicam cerca de 65% da variância aditiva média

quando ajustado o modelo MPF, e cerca de 60% considerando o modelo MPF + MPI.

TABELA 15 Estimativas média a *posteriori* para o efeito aditivo (a) e de dominância (d), variâncias genética aditiva (σ_a^2) e de dominância (σ_d^2), para os quinze genes de efeito principal (GEPs) considerados no modelo poligênico Finito (MPF) e combinado (MPF + MPI), para a característica Espessura de Gordura na Picanha (EGP8)

	Modelos							
	MPF				MPF + MPI			
	Componentes				Componentes			
	σ_a^2	σ_d^2	a	d	σ_a^2	σ_d^2	a	d
GEP								
1	0,2326	0,1400	0,9890	-0,8036	0,1909	0,1871	1,1561	-1,0805
2	0,2097	0,1236	0,8313	-0,6817	0,0994	0,2368	0,7879	-1,1025
3	0,1347	0,0448	0,4256	-0,2751	0,0051	0,0020	0,0255	-0,0107
4	0,0238	0,0019	0,0709	-0,0205	0,0005	0,0002	0,0033	-0,0001
5	<10 ⁻⁴	<10 ⁻⁴	<10 ⁻⁴	<10 ⁻⁴	0	0	0	0
6	0	0	0	0	0	0	0	0
7	0	0	0	0	0	0	0	0
8	0	0	0	0	0	0	0	0
9	0	0	0	0	0	0	0	0
10	0	0	0	0	0	0	0	0
11	0	0	0	0	0	0	0	0
12	0	0	0	0	0	0	0	0
13	0	0	0	0	0	0	0	0
14	0	0	0	0	0	0	0	0
15	0	0	0	0	0	0	0	0

Foram detectados dois GEPs afetando a expressão da característica EGP8 (Tabelas 8 a 12). Esses dois GEPs podem ser confirmados, ao observar que os dois principais locos para GEP, quando ajustado o modelo combinado (Tabela 15), correspondem a 97% da variância genética aditiva, observada para essa característica (Tabela 13).

5 CONCLUSÕES

As características AOL e EGP8 são influenciadas pela ação de poligenes e oligogenes, simultaneamente. A análise genética destas características deve ser realizada por meio de um modelo combinando os efeitos oligogênicos e poligênicos.

A característica EG deve ser analisada sob modelo poligênico infinitesimal (MPI).

Existem genes de efeito principal segregando, nesta população, para as características AOL e EGP8, que pode justificar e facilitar estudos de marcadores moleculares ligados à variação destas características.

O melhoramento das características AOL e EGP8 pode alcançar melhores resultados quando os animais fossem submetidos às ferramentas da seleção e acasalamento, respectivamente.

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABERLE, E. D.; ETHERTON, T. D.; ALLEN, C. E. Prediction of pork carcass composition using subcutaneous adipose tissue moisture or lipid concentration. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 46, n. 3, p. 449-456, Mar. 1977.

AFERRI, G. **Desempenho e características de carcaça de novilhos confinados com dietas contendo diferentes fontes de gordura**. 2003. 49 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade de São Paulo, Pirassununga.

ARAÚJO, F. R. C. **The use of real-time ultrasound to estimate variance components for growth and carcass traits in Nelore cattle**. 2003. 56p. Dissertation (Mester in Animal Science) - University of California, Davis.

ARNOLD, J. W.; BERTRAN, J. K.; BENYSHEK, L. L.; LUDWIG, C. Estimates of genetic parameters for live animal ultrasound, actual carcass data and growth traits in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 69, n. 3, p. 985, Mar. 1991.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU. Uberaba, 2006. Disponível em: <<http://www.abcz.org.br/site>>. Acesso em: 12 jan. 2010.

BARBOSA, V. **Inferência Bayesiana no estudo genético quantitativo de características de carcaça, utilizando a técnica de ultra-sonografia e suas relações com crescimento, em novilhos da raça Nelore**. 2005. 81p. Dissertação (Mestrado em Produção Animal) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia.

BARROS, M. A. **Avaliação “in vitro” de carcaças bovinas**. Pirassununga: USP, 1993. Apostila.

BEEF IMPROVEMENT FEDERATION. Ultrasound scanning: application of real-time. ultrasound to improvements programs, In: _____. **Guidelines for uniform beef improvements programs**. 6. ed. Athens: The University of Georgia, 1996. p. 155-158.

BERGEN, R.; MILLER, S. P.; WILTON, J. W. Genetic correlations among indicator traits for carcass composition measured in yearling beef bulls and finished feedlot steers. **Canadian Journal of Animal Science**, Ottawa, v. 85, n. 4, p. 463-473, Dec. 2005.

BINK, M. C. A. M.; UIMARI, P.; SILLANPÄÄ, M. J.; JANSS, L. L. G.; JANSEN, R. C. Multiple QTL mapping in related plant populations via a pedigree analysis approach. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 104, n. 5, p. 751-762, Apr. 2002a.

BINK, M. C. A. M.; UIMARI, P.; TE PAS, M. F. W.; VERBURG, F.; JANSS, L. L. G. Statistical inference on genetic response in selection lines using bivariate finite polygenic and QTL models. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Proceedings...** Montpellier: WCGALP, p. 729-732. 2002.

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

BOCCHI, A. L. **Fatores de meio que influenciam o peso à desmama de bovinos da raça nelore em diferentes regiões geográficas**. 2003. 80p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento animal) - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

BOER, I. J. M.; HOECHELE, I. Genetic evaluation methods for populations with dominance and inbreeding. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 86, n. 2/3, p. 245-258, Apr. 1993.

BOURDON, R. M. **Understanding animal breeding**. 2. ed. New Jersey: Colorado State University, 2000.

BRITO, F. V.; TAROUCO, J. U.; CARDOSO, L. L. Estudo de efeitos que afetam as medidas de área de olho de lombo e espessura de gordura subcutânea obtidas por ultra-som em diferentes tipos biológicos de bovinos. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., 2001, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: SBZ, 2001. p. 617-618.

BUCHANAN, F. C.; FITZSIMMONS, C. J.; KESSEL, A. G. van; WINKELMAN, D. C.; SCHMUTZ, S. M. Association of a missense mutation in the bovine leptin gene with carcass fat content and leptin mRNA levels. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 34, n. 1, p.105-116, Jan./Feb. 2002.

CARPENTER, Z. L. Effects of crossbreeding on carcass characteristics. In: KOGER, M.; CUNHA, T. J.; WARNICK, A. C. (Ed.). **Crossbreeding beef cattle**. Gainesville: UFP, 1973. p. 163-84.

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

CREWS, D. H.; KEMP, D. J. Genetic parameter for ultrasound and carcass measures of yield and quality among replacement and slaughter beef cattle. **Journal of Animal Sciences**, Champaign, v. 79, n. 12, p. 3008-3020, Dec. 2001.

CREWS, D. H.; POLLAK, E. J.; WEABER, R. L.; QUAAS, R. L.; LIPSEY, R. J. Genetic parameters for carcass traits and their live animal indicators in Simmental cattle. **Journal of Animal Sciences**, Champaign, v. 81, n. 6, p. 1427-1433, June 2003.

DU, F. X.; HOESCHELE, I. Estimation of additive, dominance and epistatic variance components using finite locus models implemented with a single-site Gibbs and a descent graph sampler. **Genetics Research**, Cambridge, v.76, n. 2, p. 187-198, Oct. 2000.

DU, F. X.; HOESCHELE, I.; GAGE-LAHTI, K. M. Estimation of additive and dominance variance components in finite polygenic models and complex pedigrees. **Genetics Research**, Cambridge, v. 74, n. 2, p. 179-187, Oct. 1999.

ELLER, J. P. **Utilização de modelos animais univariados e multivariados na avaliação genética de bovinos da raça Nelore.** 1994. 112 p. Tese (Livro Docência) - Universidade de São Paulo, Pirassununga.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics.** 3. ed. New Yor: Longman, 1989.

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

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

FELÍCIO, E. P. Fatores ante e post-mortem que influenciam na qualidade da carne bovina. In: PEIXOTO, A. M.; MOURA, J. C.; FARIA, V. P. **Produção do novilho de corte**. Piracicaba: FEALQ, 1997. p. 79-97.

FERNANDO, R. L.; STRICKER, C.; ELSTON, R. L. The finite polygenic mixed model an alternative formulation for the mixed model of inheritance. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 88, n. 5, p. 573-580, July 1994.

FIGUEIREDO, L. G. G. **Estimativas de parâmetros genéticos de características de carcaças feitas por ultra-sonografia em bovinos da raça Nelore**. 2001. 67p. Dissertação (Mestrado em Qualidade e Produção Animal) - Universidade de São Paulo, Pirassununga.

FIGUEIREDO, L. G. G.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; OLIVEIRA, F. F.; SHIMBO, M. V.; JUBILEU, J. S. Componentes de variância para área de olho de lombo e espessura de gordura subcutânea. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 2000, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: SBMA, 2000. p. 385-387.

FISHER, R. A. The correlation between relatives on the supposition of mendelian inheritance. **Transactions of the Royal Society of Edinburgh**, Edinburgh, v. 52, n. 1, p. 399-433, 1918.

FITZSIMMONS, C. J.; SCHMUTZ, S. M.; BERGEN, R. D.; MCKINNON, J. J. A potential association between the BM 1500 microsatellite and fat deposition in beef cattle. **Mammalian Genome**, New York, v. 9, n. 6, p. 432-434, June 1998.

GAMA, L. T. da. **Melhoramento genético animal**. Lisboa: Escolar, 2002.

GELMAN, A.; CARLIN, J. B.; STERN, H. S.; RUBIN, D. B. **Bayesian data analysis**. 2. ed. Boca Raton: Chapman & Hall, 2004.

GESUALDI JÚNIOR, A.; QUEIROZ, A. C.; RESENDE, F. D.; ALLEONI, G. F.; RAZOOK, A. G.; FIGUEIREDO, L. A.; GESUALDI, A. C. L. S.; DETMANN, E. Características de carcaça de bovinos Nelore e Caracu selecionados para peso aos 378 dias de idade recebendo alimentação restrita ou à vontade. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 35, n. 1, p. 131-138, jan. 2006.

GIANOLA, D.; FERNANDO, R. L. Bayesian methods in animal breeding theory. **Journal of Animal Sciences**, Champaign, v. 63, n. 1, p. 217-244, Jan. 1986.

GIANOLA, D.; RODRIGUEZ-ZAS, S.; SHOOK, G. E. The Gibbs sampler in the animal model: a primer. In: FOULLEY, J. L.; MOLENAT, H. (Ed.). **Séminaire modèle animal**. La Colle sur Loup: INRA Departament de Genetique Animale, 1994. p. 47-56.

GILKS, W. R.; RICHARDSON, S.; SPIEGELHALTER, D. J. **Markov chain Monte Carlo in practice**. London: Chapman & Hall, 1996.

GONÇALVES, T. M. **Genes de efeito principal e locus de características quantitativas (QTL) em suínos**. 2003. 82p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento Animal - Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Botucatu.

GREEN, P. J. Reversible jumping Markov chain Monte Carlo computation and Bayesian model determination. **Biometrika**, New York, v. 82, n. 4, p. 711-732, Dec. 1995.

HASSEN, A.; WILSON, D. E.; ROUSE, G. H. Evaluation of carcass, live, and real-time ultrasound measures in feedlot cattle: I. Assessment of sex and breed effects. **Journal of Animal Sciences**, Champaign, v. 77, n. 2, p. 273-282, Feb. 1999.

HASSEN, A.; WILSON, D. E.; ROUSE, G. H.; TAIT JUNIOR, D R. G. Partitioning variances of growth in ultrasound longissimus muscle área measures in Angus bulls and heifers. **Journal of Animal Sciences**, Champaign, v. 82, n. 5, p. 1272-1279, May 2004.

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.

JANSS, L. L. G.; ARENDONK, J. A. M.; BRASCAMP, E. W. Bayesian statistical analyses for presence of single genes affecting meat quality traits in a crossed pig population. **Genetics**, Austin, v. 145, n. 2, p. 395-408, Feb. 1997.

JANSS, L. L. G.; THOMPSON, R.; ARENDONK, J. A. M. Application of Gibbs sampling for inference in a mixed major gene-polygenic inheritance model in animal populations **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 91, n. 6/7, p. 1137-1147, Nov. 1995.

JOHNSON, M. Z.; SCHALLES, R. R.; DIKEMAN, M. E.; GOLDEN, B. L. Genetic parameter estimates of ultrasound-measured longissimus muscle area and 12th rib fat thickness in brangus cattle. **Journal of Animal Sciences**, Champaign, v. 71, n. 10, p. 2623-2630, Oct. 1993.

JORGE, A. M. **Considerações sobre os sistemas de avaliação e tipificação de carcaças**. Botucatu: UNESP, 2008. Slides. Disponível em: <<http://www.fmvz.unesp.br/andrejorge/AULA-%5B02%5DConsideracoes.pdf>>. Acesso em: 13 ago. 2010.

JOSAHKIAN, L. A. Programa de melhoramento genético das raças zebuínas. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., 2000, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: SBMA, 2000. CD-ROM.

KARSBURG, J. H.; FERRAZ, J. B. S.; MOURAO, G. B.; FIGUEIREDO, L. G. G.; MATTOS, E. C.; ELER, J. P. Estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos para características de crescimento e de carcaça em bovinos da raça Santa Gertrudis. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. **Anais...** Pirassununga: SBMA, 2004. CD-ROM.

KASS, R. E. Bayes factors in practice. **Statistician**, London, v. 42, n. 5, p. 551-560, 1993.

KASS, R. E.; RAFTERY, A. E. Bayes factors. **Journal of the American Statistical Association**, New York, v. 90, n. 430, p. 773-795, June 1995.

KEMP, D. J.; HERRING, W. O.; KAISER, C. J. Genetic and environmental parameters for steer ultrasound and carcass traits. **Journal of Animal Sciences**, Champaign, v. 80, n. 6, p. 1489-1496, June 2002.

LANDE, R. The minimum number of genes contributing to quantitative variation between and within populations. **Genetics**, Berlin, v. 99, n. 3/4, p. 541-553, Nov./Dec. 1981.

LANGE, K. An approximate model of polygenic inheritance. **Genetics**, Berlin, v. 147, n. 3, p. 1423-1430, Mar. 1997.

LEAT, W. M. F. E.; COX, R. W. Fundamental aspects of adipose tissue growth. In: LAWRENCE, T. L. J. (Ed.). **Growth in Animals**. London: Butterworths, 1980. p. 137-174.

LIMA NETO, H. R. **Estimativas de parâmetros genéticos de características ponderais e de carcaças feitas por ultra-sonografia em bovinos da raça Guzará**. 2007. 80 p. Dissertação (Mestrado em Medicina Veterinária) - Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.

LÔBO, R. B. **Programa de melhoramento genético da raça Nelore**. Ribeirão Preto: PMGRN, 2001. 104p.

LONG, C. R. Crossbreeding for beef production: experimental results. **Journal of Animal Sciences**, Champaign, v. 51, n. 5, p. 1197-1223, Nov. 1980.

LOPES, J. S.; RORATO, P. R. N.; RODRIGUES, T. W.; DIAS, R.; COMIN, J. G.; DORNELLES, M. A. Metanálise para características de carcaça de bovinos de diferentes grupos genéticos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 38, n. 8, p. 2278-2284, nov. 2008.

LUCHIARI FILHO, A. **Pecuária da carne bovina**. São Paulo: LinBife, 2000. 134p.

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

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

MARTINEZ, V.; BUNGER, L.; HILL, W. G. Analysis of response to 20 generations of selection for body composition in mice: fit to infinitesimal model assumptions. **Journal of Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 32, n. 1, p. 3-21, Jan. 2000.

MIYAKE, T.; DOGO, T.; MORIYA, K.; SASAKI, Y. Bayesian analysis for existence of segregation of major genes affecting marbling in Japanese Black cattle population. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6., 1998, Armidale. **Proceedings...** Armidale: UNE, v. 26, p. 389-392, 1998.

MIYAKE, T.; DOGO, T.; MORIYA, K.; SASAKI, Y. Bayesian analysis for existence of segregation of major genes affecting carcass traits in Japanese Black cattle population. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 116, n. 3, p. 207-215, June 1999.

MIYAKE, T.; GAILLARD, C.; MORIYA, K.; SASAKI, Y. Accuracy of detection of major genes segregating in outbred population by Gibbs sampling using phenotypic values of quantitative traits. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 116, n. 4, p. 281-288. Aug. 2001.

MOSER, D. W.; BERTRAND, J. K.; MISZTAL, I.; KRIESE, L. A.; BENYSHEK, L. L. Genetic parameters for carcass and yearling ultrasound measurements in Brangus cattle. **Journal of Animal Sciences**, Champaign, v. 76, n. 10, p. 2542-2548, Oct. 1998.

PEDROSO, E. K.; LOCATELI, A. L.; GROSSKLAUS, C. Avaliação funcional e carcaça do Nelore. In: SEMINÁRIO NACIONAL DE CRIADORES E PESQUISADORES, 12., 2003, Ribeirão Preto. **Anais...** Ribeirão Preto: SBZ, 2003. CD-ROM.

PERKINS, T. L.; GREEN, R. D.; HAMLIM, K. E.; SHEPARD, H. H.; MILLER, M. F. Ultrasonic prediction of carcass merit in beef cattle: Evaluation of technician effects on ultrasonic estimates of carcass fat thickness and longissimus muscle area. **Journal of Animal Sciences**, Champaign, v. 70, n. 9, p. 2758-2765, Sept. 1992.

PEROTTO, D.; MOLETTA, J. L.; CUBAS, A. C. Características quantitativas da carcaça de bovinos Charolês, Caracu e cruzamentos recíprocos terminados em confinamento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 29, n. 1, p. 117-124, Jan. 2000.

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

PITCHFORD, W. S.; MIRZAEI, H. M.; DELAND, M. P. B.; AFOLAYAN, R. A.; RUTLEY, D. L.; VERBYLA, A. P. Variance components for birth and carcass traits of crossbred cattle. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, Melbourne, v. 46, n. 2, p. 225-231, 2006.

PONG-WONG, R.; HALEY, C. S.; WOOLLIOMS, J. A. Behaviour of the additive finite locus model. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 31, n. 2, p.193-211, Mar./Apr. 1999.

PRADO, C. S.; PÁDUA, J. T.; CORRÊA, M. P. C.; FERRAZ, J. B. S.; MIYAGI, E. S.; RESENDE, L. S. DE. Comparação de diferentes métodos de avaliação da área de olho de lombo e cobertura de gordura em bovinos de corte. **Ciência Animal Brasileira**, Goiânia, v. 5, n. 3, p. 141-149, jul/set. 2004.

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

REVERTER, A.; JOHNSTON, D. J.; GRASER, H. U.; WOLCOTT, M. L.; UPTON, W. H. Genetic analyses of live animal ultrasound and abattoir carcass traits in Australian Angus and Hereford cattle. **Journal of Animal Sciences**, Champaign, v. 78, n. 7, p.1786-1795, July 2000.

RITCHIE, H. Available technology tools to produce and deliver final products. In: SYMPOSIUM: USING SCIENCE AND MARKETING IN PRODUCING AND DELIVERING VALUE-ADDED PRODUCTS IN THE NEW ECONOMY, 2001, Bozeman. **Proceeding...** Bozeman: Western Section of the American Society of Animal Science, 2001. CD-ROM.

ROBERT, C.; PALIN, M.; COULOMBE, N.; ROBERGE, C.; SILVERSIDES, F.G.; BENKEL, B. F.; MCKAY, R. M.; PELLETIER, G. Backfat thickness in pigs is positively associated with leptin mRNA levels. **Canadian Journal of Animal Science**, Ottawa, v. 78, n. 4, p. 473- 82, Dec. 1998.

ROBIN HIGH. **Dealing with 'Outliers'**: how to maintain your data's integrity. Oregon: University of Oregon, 2000. Disponível em: <<http://cc.uoregon.edu/cnews/spring2000/outliers.html>>. Acesso em: 31 jan. 2010.

ROBINSON, D. L.; HAMMOND, K.; MCDONALD, C. A. Live animal measurement of carcass traits: estimation of genetic parameters for beef cattle. **Journal of Animal Sciences**, Champaign, v. 71, n. 5, p. 1128-1135, May 1993.

ROBINSON, D. L.; MCDONALD, C. A.; HAMMOND, K.; TURNER, J. W. Live animal measurement of carcass traits by ultrasound: assessment and accuracy of sonographers. **Journal of Animal Sciences**, Champaign, v. 70, n. 6, p. 1667-1676, June 1992.

SAINZ, R. D.; ARAUJO, F. R. C. Tipificação de carcaças de bovinos e suínos. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE CIENCIA E TECNOLOGIA DE CARNE, 2001, São Pedro. **Anais Eletrônicos...** São Pedro: UNESP, 2001. Disponível em: <http://www.fmvz.unesp.br/an drejorge/SAINZ_2001_Tipificacao_Carcacas_Bovinos_Suinos.pdf>. Acesso em: 13 jan. 2010.

SAINZ, R. D.; ARAUJO, F. R. C.; MANICARDI, F.; RAMOS, J. R. H.; MAGNABOSCO, C. U.; BEZERA, L. A. F.; LOBO, R. B. Melhoramento genético da carcaça em gado zebuino. In: SEMINÁRIO DA ASSOCIAÇÃO NACIONAL DE CRIADORES E PESQUISADORES, 12., 2003, Ribeirão Preto. **Anais...** Ribeirão Preto: USP, 2003. p.1-12.

SANTOS, R. dos. **Os cruzamentos na pecuária tropical**. Uberaba: Agropecuária Tropical. 1999. 764p.

SAVIANNI, C. M. **Análise de carcaça suína “in vivo”**. Pirassununga: USP, 1993. Apostila.

SHEPARD, H. H.; GREEN, R. D.; GOLDEN, B. L.; HAMLIN, K. E.; PERKINS, T. L.; DILES, J. B. Genetic parameter estimates of live animal ultrasonic measures of retail yield indicators in yearling breeding cattle. **Journal of Animal Sciences**, Champaign, v. 74, n. 3, p. 761-768, Mar. 1996.

SILVA, I. S. **Componentes de (co) variância e parâmetros genéticos para características de crescimento de bovinos da raça Guzerá usando diferentes estratégias de análise**. 2004. 93p. Tese (Doutorado em Ciência Animal e Pastagem) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

SILVA, S. da L.; LEME, P. R.; PEREIRA, A. S. C.; PUTRINO, S. M. Correlações entre características de carcaça avaliadas por ultra-som e pós-abate em Novilhos Nelore, alimentados com altas proporções de concentrado. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 32, n. 5, p.1236-1242, maio 2003.

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

SORENSEN, D. A.; ANDERSEN, S.; GIANOLA, D. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 27, n. 3, p. 229-249, Mar. 1995.

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

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

STELZLENI, A. M.; PERKINS, T. L.; BROWN JÚNIOR, A. H.; POHLMAN, F. W.; JOHNSON, Z. B.; SANDELIN, B. A. Genetic parameter estimates of yearling live animal ultrasonic measurements in Brangus cattle. **Journal of Animal Sciences**, Champaign, v. 80, n. 12, p. 3150-3153, Dec. 2002.

STOUFFER, J. R. Using ultrasound to objectively evaluate composition and quality livestock. In: CENTURY CONCEPTS IMPORTANT TO MEAT-ANIMAL EVALUATION, 21., 1991, Wisconsin. **Proceedings...** Wisconsin: University of Wisconsin, 1991. p. 49-54.

SUGISAWA, L. **Ultrasonografia para predição das características e composição da carcaça de bovinos**. 2002. 70p. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal e Pastagem) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

TAIT, J. R.; ROUSE, G. H.; WILSON, D. E. **Predicting percent retail product in beef cattle**. In: ANNUAL BIF MEETING CONFERENCE, 34, 2002, Raleigh. **Proceedings....** Raleigh: North Carolina State University, 2002. Disponível em: <<http://beefimprovement.org/proceedings/tait.html>>. Acesso em: 12 jan. 2010.

TAIT, J. R.; ROUSE, G. H.; WILSON, D. E.; HAYS, C. L. **Comparison of ultrasound and carcass measures to predict the percentage of lean beef from four primal cuts**. Ames: Iowa State University, 2001. (ISU Beef Research Report - A. S. Leaflet R1755).

TAROUCO, J. U. **Curso em ultra-sonografia para avaliação corporal em bovinos de corte**. Uruguaiana: PUC-RS3, 1997. Palestra.

TAROUCO, J. U. **Utilização do ultra-som para predição de características de carcaça em bovinos.** 2004. 189p. Tese (Doutorado em Produção Animal) - Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre.

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

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

TESSANE, K.; HINES, H. C.; DAVIS, M. E. **Relationships of polymorphisms in the bovine leptin gene with differences in beef carcass traits.** Ohio: Ohio State University, 1999. (Special Circular n. 170).

THOMPSON, E. A.; SKOLMICK, M. H. Likelihoods on complex pedigrees for quantitative traits. In: POLLACK, E.; KEMPTHORNE, O.; BOILEY JUNIOR, T. B. (Ed.). **Proceedings of international conference on quantitative genetics.** Ames: Iowa State University, 1977. p. 815-818.

TUBINO, D. F. **Manual de planejamento e controle da produção.** São Paulo: Atlas, 1997.

UIMARI, P.; SILLANPÄÄ, M. A Bayesian MCMC linkage analysis with segregation indicators for complex pedigrees. **Genetic Epidemiology**, New York, v. 21, n. 3, p. 224-242, Nov. 2001.

VICENT, A. L. A restriction fragment length polymorphism in the porcine leptin receptor (LEPR) gene. **Journal of Animal Sciences**, Champaign, v. 75, n. 8, p. 2287, Aug. 1997.

WILSON, D. E.; ROUSE, G. H.; HAYS, C. L. **Adjustment factors for ultrasound measures in yearling Angus bulls and developing heifers.** Ames: Iowa State University, 2000. (Beef Research Report - A.S. Leaflet R1714).

WILSON, D. E.; ROUSE, G. H.; HAYS, C. L. **Carcass EPDs from Angus heifer real-time ultrasound scans.** Ames: Iowa State University, 2001a. (Beef Research Report - A. S. Leaflet R1736).

WILSON, D. E.; ROUSE, G. H.; HAYS, C. L. **Genetic relationship between live animal ultrasound measures and scrotal circumference in yearling angus bulls**. Ames: Iowa State University, 2001b. (Beef Research Report - A. S. Leaflet R1737).

YI, N. J. A unified Markov chain Monte Carlo framework for mapping multiple quantitative trait loci. **Genetics**, Berlin, v. 167, n. 2, p. 967-975, June 2004.

YI, N. J.; YANDELL, B. S.; CHURCHILL, G. A.; ALLISON, D. B.; EISEN, E. J.; POMP, D. Bayesian model selection for genome-wide epistatic quantitative trait loci analysis. **Genetics**, Berlin, v. 170, n. 3, p. 1333-1344, May 2005.

YOKOO, M. J. **Estimativas de efeitos genéticos e ambientais para características de carcaça medidas pelo ultra-som em bovinos da raça Nelore**. 2005. 89 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.